

景观河道病原微生物分布特征及其与环境因子的关系

徐晓璇¹, 康丽娟², 叶建锋², 陈柏臻³, 焦正¹

(1. 上海大学, 环境与化学工程学院, 上海 200444;
2. 上海市环境科学研究院, 上海 200233;
3. 上海七宝德怀特高级中学, 上海 201101)

摘要: 鉴于当前城市人口密集、公众与景观水体接触日益增多、水体整体环境较差的现状, 为正确评价景观河道环境现状, 以上海市中心城区 3 条不同营养状态及功能河道为例, 选取 2017 年汛期 5 场连续降雨, 分析了河道病原微生物的分布特征及其与环境因子的相关关系。结果表明, 劣 V 类水质的河道 a 晴天粪大肠菌群平均浓度为 1.72×10^3 MPN/mL, 雨天为 3.34×10^3 MPN/mL, 水质较好的河道 b 和河道 c 晴天与雨天粪大肠菌群平均浓度保持 10^2 MPN/mL。晴天 3 条河道大肠菌群平均浓度相差 2 个数量级, 河道 a 为 5.15×10^3 CFU/mL, 河道 b 和河道 c 分别为 30 CFU/mL 和 99 CFU/mL; 雨天大肠菌群平均浓度河道 a 为 1.04×10^5 CFU/mL, 河道 b 和河道 c 分别为 289 CFU/mL 和 147 CFU/mL。在变化趋势上, 降雨导致粪大肠菌群和大肠菌群浓度增加, 但大肠菌群浓度增加的程度明显高于粪大肠菌群。相关分析显示, 3 条河道内粪大肠菌群和大肠菌群与环境因子相关性存在一定差异, 但基本都表现为与 TN、TP 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 显著正相关, 控制河道氮磷营养水平能显著抑制病原微生物增殖。

关键词: 景观河道; 粪大肠菌群; 大肠菌群; 分布特征; 环境因子

中图分类号: Q938.8 **文献标志码:** A **文章编号:** 1674-3075(2019)03-0065-06

水媒病原微生物导致的传染性疾病在人类历史上不断发生, 其中大部分病原微生物为肠源性, 其由粪便进入水体环境, 经口由消化道感染人体, 最终引起肠道疾病的发生。受污染水体中病原微生物种类众多, 生物量少, 往往通过检测环境中指示微生物来对水体病原菌污染状况进行评价 (Acosta-Martínez & Tabatabai, 2000; Ferguson et al, 2012)。粪大肠菌群和大肠菌群是水体卫生学、流行病学上公认的指标和主要监测项目 (Byamukama et al, 2005; 王迎春, 2011)。粪大肠菌浓度在 10^3 个/mL 左右, 沙门氏菌、志贺氏菌均等致病菌均具有较高的阳性率 (段卫平和叶秀雯, 2001; 张崇森等, 2012)。

病原微生物是限制地表水体水质达标的重要因素之一, 国外 40% 的河流水质超标是由大肠菌群等微生物超标引起的 (江磊等, 2015)。降雨是地表水体病原微生物的重要来源, 在降雨的淋洗和冲刷作用下, 城市大气中和地表上累积的污染物伴随着径流, 经由排水系统收集和输送, 通过多种汇集、迁移

和排放方式, 最终进入水体, 造成水体污染。径流中大肠杆菌的数量要比游泳健康标准高出 20~40 倍 (张媛, 2006), 导致接纳水体大肠菌群升高两个数量级 (胡晓娟等, 2010)。病原微生物在地表水体分布广泛, 其存活和分布特征受水体环境因子的制约和影响 (Nixdorf & Jander, 2003)。焦俊鹏等 (2000) 发现粪大肠菌群与水温、 COD_{Cr} 、 $\text{PO}_4\text{-P}$ 、叶绿素 a 呈正相关; 黄秀清和彭立功 (1993) 认为氮磷等营养物质浓度能够影响粪大肠菌群数量, 水体富营养化程度越高, 粪大肠菌群数量也越高。为探讨河道病原微生物分布特征, 本研究选取上海市中心城区 3 条景观河道, 分析了汛期不同降雨条件下河道粪大肠菌群和大肠菌群的分布特征, 并开展了病原微生物与环境因子之间相互关系的初步分析, 以期河道病原微生物污染防治提供基础数据, 为进一步开展健康风险评价提供依据。

1 材料与方法

1.1 样点设置

上海市河网密布, 本研究选取中心城区空间临近、水质差异较大的 3 条河道为研究对象, 河道 a 水质较差, 常年水质为劣 V 类, 研究河道内有 1 个雨水泵站; 河道 b 与河道 a 平行, 直线距离 2 700 m, 河道

收稿日期: 2018-02-10
基金项目: 沪环科 (2018-18)。
作者简介: 徐晓璇, 1993 年生, 女, 硕士研究生, 研究方向为环境生物技术。E-mail: alassyal@163.com
通信作者: 叶建锋。E-mail: yejf99@aliyun.com

水质较好,达到功能区水质需求,且水生态环境较好,河道中分布大片高等水生植物。河道c为公园内部河流,与外界不连通,与河道b直线距离1200 m左右。3条河段均无直接入河点源,地面径流均为其主要外源污染来源。河道a有地表径流由泵站集中排放,故沿泵站排放口混合区、上下游500 m各设置1个监测点位;河道b和河道c选取河段中游设置1个监测点位。点位分布及河道常规水流方向如图1所示。

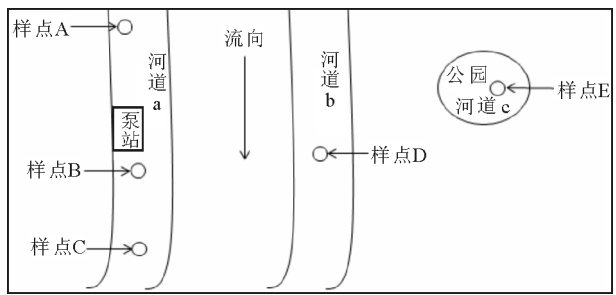


图1 采样点示意

Fig.1 Location of monitoring sites in the three rivers

1.2 样品采集与测定

研究时段持续15 d,期间发生5场降雨,降雨量在2~12 mm。实验水样的采集按照《水和废水监测分析方法》相关要求(国家环境保护总局,2002),采集表层水样。样品分两部分,一部分用于常规水质指标测定;另一部分装入预先经高压灭菌处理的带盖离心管中,4℃保存运至实验室进行细菌学测定。

粪大肠菌群和大肠菌群采用纸片法测定(孙霞等,2014)。水质参数按照《水和废水监测分析方法》相关要求测定,测定指标包括BOD₅、COD_{Cr}、TN、TP、NH₃-N、SS。

1.3 数据分析

利用统计学软件,对采样期间各样点数据进行Pearson相关性分析,判别是否具有显著相关性,设定 $P<0.05$ 有统计学意义。

2 结果

2.1 病原微生物分布

采样期间,3条河道粪大肠菌群分布情况如图2所示。从监测结果来看,粪大肠菌群浓度在 $1.9\times10^2\sim4.0\times10^3$ MPN/mL,河道a、河道b和河道c粪大肠菌群平均浓度分别为 2.26×10^3 MPN/mL、 4.93×10^2 MPN/mL和 2.09×10^2 MPN/mL;雨天,河道a、河道b和河道c粪大肠菌群平均浓度分别为 3.34×10^3 MPN/mL、 7.48×10^2 MPN/mL和 $2.51\times$

10^2 MPN/mL;晴天,3条河道粪大肠菌群平均浓度分别为 1.72×10^3 MPN/mL、 2.05×10^2 MPN/mL和 1.89×10^2 MPN/mL。雨天,3条河道粪大肠菌群平均浓度分别是晴天的2.2、3.6和1.3倍。在变化趋势上,3条河段均呈现雨天粪大肠菌群浓度增加、雨后降低的特征,不同的是河道a粪大肠菌群浓度随降雨的变化幅度较大,最高达到60%,河道b和河道c粪大肠菌群浓度随降雨降低幅度较小,最高仅为40%和7%。

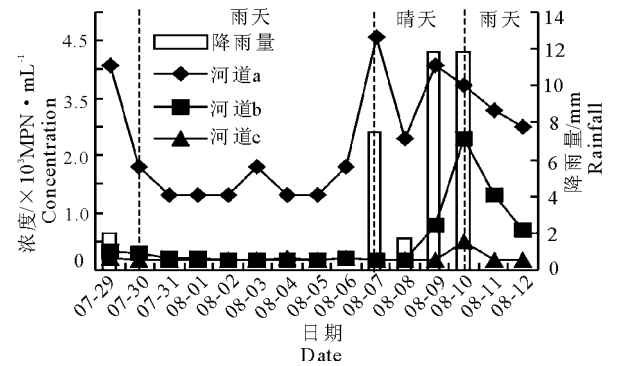


图2 景观河道粪大肠菌群浓度变化

Fig.2 Variation of fecal coliform counts in the three rivers

采样期间,3条河道大肠菌群分布情况如图3所示。从监测结果来看,大肠菌群浓度在 $30\sim1.4\times10^5$ CFU/mL,河道a、河道b和河道c大肠菌群平均浓度分别为 3.82×10^4 CFU/mL、116 CFU/mL和115 CFU/mL;雨天,河道a、河道b和河道c大肠菌群平均浓度分别为 1.04×10^5 CFU/mL、289 CFU/mL和147 CFU/mL;晴天,3条河道大肠菌群平均浓度分别为 5.15×10^3 CFU/mL、30 CFU/mL和99 CFU/mL。雨天的大肠菌群平均浓度分别是晴天的20、10和1.5倍。在变化趋势上,3条河段均呈现雨天大肠菌群浓度增加、雨后降低的特征,不同的是河道a大肠菌群浓度随降雨的变化幅度较大,最高达到90%以上,河道b和河道c

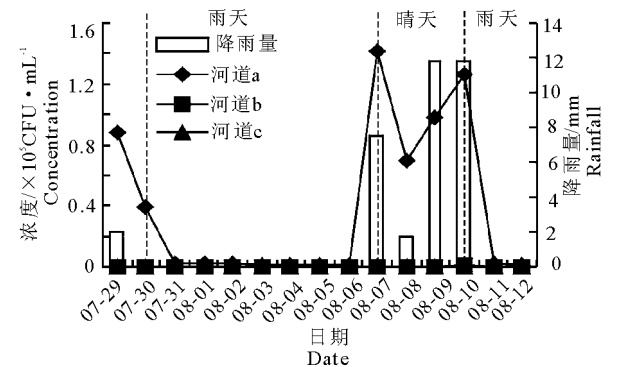


图3 景观河道大肠菌群浓度变化

Fig.3 Variation of coliform counts in the three rivers

大肠菌群浓度随降雨降低幅度相对较小,但最高变幅也达到 80%和 63%。

2.2 理化指标分布特征

3 条河道水质参数变化趋势类似(图 4)。河道 a、河道 b、河道 c 的 SS 分别为 (19.2 ± 0.35) mg/L、 (8.8 ± 0.35) mg/L 和 (5.27 ± 0.36) mg/L; COD_{Cr} 分别为 (34.6 ± 2.8) mg/L、 (17.6 ± 1.23) mg/L 和 (14.3 ± 1.14) mg/L, TP 分布为 (0.56 ± 0.04) mg/L、 (0.23 ± 0.04) mg/L 和 (0.20 ± 0.03) mg/L;TN 分别为 (5.98 ± 0.28) mg/L、 (2.66 ± 0.30) mg/L 和 (1.16 ± 0.14) mg/L, NH_3 -N 分别为 (5.2 ± 0.3) mg/L、 (1.5 ± 0.3) mg/L 和 (0.34 ± 0.14) mg/L。以非雨天河道水质看,河道 a 水质基本为劣 V 类、河道 b 为 V 类、河道 c 为Ⅲ类。在变化趋势上,河道 a 理化指标随降雨变化幅度较大,河道

b 和河道 c 变化较小,变幅仅为 10%左右。

2.3 相关性分析

表 1、表 2 和表 3 分别是 3 条河道大肠菌群(TC)、粪大肠菌群(FC)与环境因子的相关分析。可以看出,河道 a 粪大肠菌群除了与 SS 和 BOD_5 相关性不强外,与其它所测环境因子显著相关;大肠菌群除了与 SS、TP 和 BOD_5 相关性不强外,与其它所测环境因子显著相关。河道 b 粪大肠菌群除与 COD_{Cr} 和 BOD_5 相关性不强,与其它所测环境因子显著相关;大肠菌群仅与 NH_3 -N 和 TP 显著相关。对于河道 c,粪大肠菌群与 TN 和 TP 显著相关;大肠菌群除与 SS、 COD_{Cr} 和 BOD_5 相关性不强外,与其它所测环境因子显著相关。3 条河道大肠菌群和粪大肠菌群呈现明显正相关性,相关系数分别为 0.549、0.525 和 0.905。

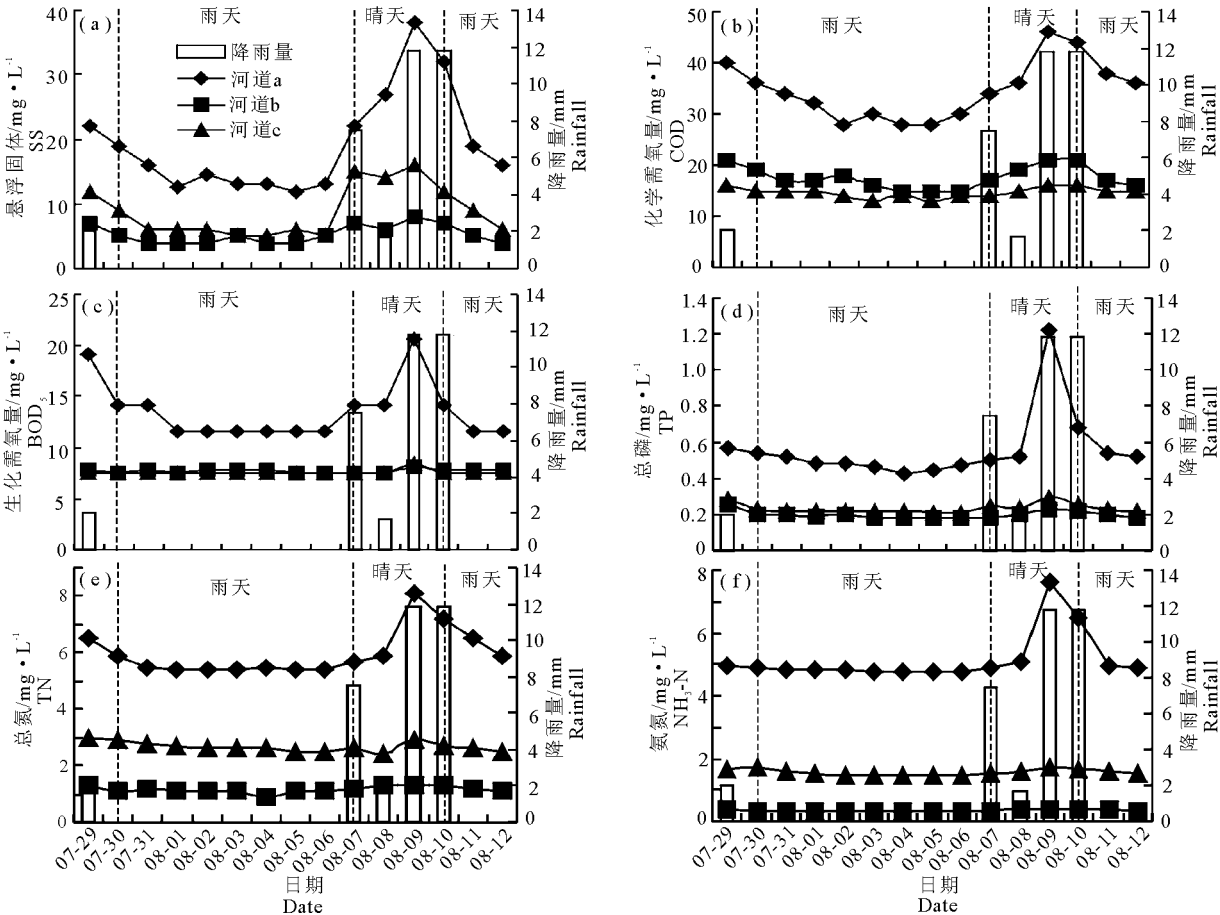


图 4 河道水质参数变化

Fig.4 Variation of the water quality parameters in the three rivers

3 讨论

3.1 河道病原微生物来源与分布

粪大肠菌群主要来源于人和温血动物的粪便,

是总大肠菌群的一部分。粪大肠菌群可以反映水质受污染的程度(焦春香等, 2010)。本研究中,3 条河道均受到不同程度的病原微生物污染,呈现河道 a>河道 b>河道 c。

表 1 河道 a 大肠菌群和粪大肠菌群与环境因子的相关分析

Tab.1 Correlation coefficients between coliform counts, fecal coliform counts and environmental parameters in River a

指标	FC	SS	COD _{Cr}	BOD ₅	TP	TN	NH ₃ -N	TC
FC	1							
SS	0.201	1						
COD _{Cr}	0.528 **	0.715 **	1					
BOD ₅	0.358	0.757 **	0.904 **	1				
TP	0.632 **	0.257	0.635 **	0.457 *	1			
TN	0.536 **	-0.481 **	0.769 **	0.665 **	0.625 **	1		
NH ₃ -N	0.567 **	0.743 **	0.903 **	0.781 **	0.479 **	0.793 **	1	
TC	0.549 **	0.410 *	0.477 **	0.323	0.439 *	0.581 **	0.676 **	1

表 2 河道 b 大肠菌群和粪大肠菌群与环境因子的相关分析

Tab.2 Correlation coefficients between coliform counts, fecal coliform counts and environmental parameters in River b

指标	FC	SS	COD _{Cr}	BOD ₅	TP	TN	NH ₃ -N	TC
FC	1							
SS	0.322	1						
COD _{Cr}	0.429 *	0.354	1					
BOD ₅	-0.114	0.329	0.143	1				
TP	0.766 **	0.282	0.360	-0.228	1			
TN	0.488 **	-0.021	0.142	-0.089	0.122	1		
NH ₃ -N	0.549 **	0.273	0.417 *	0.010	0.460 *	0.419 *	1	
TC	0.525 **	0.216	0.033	-0.147	0.596 **	0.376 *	0.606 **	1

表 3 河道 c 大肠菌群和粪大肠菌群与环境因子的相关分析

Tab.3 Correlation coefficients between coliform counts, fecal coliform counts and environmental parameters in River c

指标	FC	SS	COD _{Cr}	BOD ₅	TP	TN	NH ₃ -N	TC
FC	1							
SS	0.361 *	1						
COD _{Cr}	0.200	0.354	1					
BOD ₅	-0.067	0.329	0.143	1				
TP	0.532 **	0.282	0.360	-0.228	1			
TN	0.554 **	-0.021	0.142	-0.089	0.122	1		
NH ₃ -N	0.408 *	0.273	0.417 *	0.010	0.460 *	0.419 *	1	
TC	0.905 **	0.366 *	0.229	-0.074	0.573 **	0.539 **	0.464 **	1

注：** 为极显著相关($P<0.01$)；* 为显著相关($P<0.05$)。
Note: ** indicates a highly significant correlation ($P<0.01$), * indicates a significant correlation ($P<0.05$).

从连续晴天河道水质理化指标可以看出,河道 a 水质基本为劣 V 类,河道 b 为 V 类、河道 c 为 III 类;若综合考虑病原微生物浓度,河道水质会下降 1~3 个级别。吕怡兵等(2007)对三峡水库的水质分析也展示了相同的结果,以常规理化指标进行评价,水库区以 III 类水为主,考虑微生物后,水质总体变为 IV 类和 V 类。

河道所处的周边环境 and 水质状况等因素会影响环境水体中微生物的分布情况。河道 a 沿岸雨水经泵站集中强排至河道,降雨径流集中大量排放至河道,使得降雨对河道常规理化指标及病原微生物冲击负荷大,降雨后河道污染物浓度大幅增加。河道 b 和河道 c 径流排放方式相对缓和,降雨后两条河道污染物浓度增幅较小。这与商君阳等(2016)的研究结果类似,表明地表径流等输入的病原微生物是水体微生物的重要来源(Pan & Jones, 2012),能导

致受纳水体粪大肠菌群浓度提高 7%~60%,大肠菌群提高 60%~90%。

3.2 病原微生物与理化指标的相关性

水中悬浮物含量是衡量水体受污染程度的指标之一。降雨天气和污水的排放能够增加悬浮杂质,使样点悬浮固体增加,因此河道 a 中悬浮固体浓度最高,受到污染最严重,粪大肠菌群和大肠菌群浓度也高于另外两条河道。大多数细菌的生长和繁殖等生命活动都需要有机物提供物质基础;相反,细菌也可以分解有机物,一定程度上,水体中有机物的含量可以由 COD 反映,因此 COD 与细菌数量有一定的关系。降雨后,3 条河道 COD_{Cr}较晴天有所增加,河道指示细菌浓度也高于晴天。通过相关性分析,河道 a 粪大肠菌群和大肠菌群与 COD_{Cr}呈显著正相关;这与焦俊鹏等(2000)对杭州湾微生物与环境因子的研究结果一致。氮磷是微生物生长的重要元

素,无论是大肠菌群还是粪大肠菌群,都与氮、磷呈显著正相关,这与沈晓盛等(2010)对南汇边滩大肠菌群和粪大肠菌群与环境因子的结果类似。污水排放是水体中氮磷重要来源(王鹏等,2015),病原微生物可随污水、雨水及地表径流进入河流,引起河水中指示细菌和污染物浓度上升,指示细菌(大肠菌群和粪大肠菌群)与总氮和总磷表现出的相关性,在一定程度上可以说明粪大肠菌群和大肠菌群与污染物来源于城市生活污水排放。因河道 a 存在雨水泵站,故理化指标浓度比同时间段另外两条河道浓度高,指示细菌浓度也高于另外两条河道。雨水泵站对河道 b 和河道 c 没有影响,所以这两条河道总氮和总磷浓度变化相对稳定。不同采样点,对同一环境指标相关性不尽相同。即使相同采样点,不同环境指标的相关性也不相同。水质参数浓度过高,对应时间段内河道中指示细菌浓度也会增加。

4 结论

(1)汛期营养状态相差较大的 3 条河道粪大肠菌群浓度相差 1 个数量级;但大肠菌群浓度差别较大,雨天的平均浓度与晴天相差 2 个数量级;降雨均会导致粪大肠菌群和大肠菌群浓度的增加,但大肠菌群浓度增加的程度明显高于粪大肠菌群。

(2)3 条河道内粪大肠菌群和大肠菌群与环境因子相关性存在一定差异,但基本都表现为与 TN、TP 和 $\text{NH}_3\text{-N}$ 显著正相关。

(3)控制河道氮磷营养水平能显著抑制病原微生物增殖,为河道健康风险防控提供有益的借鉴。

参考文献

段卫平,叶秀雯,2001. 天津城市污水中大肠菌群数与沙门氏菌的关系[J]. 环境与健康杂志, 18(1): 25-26.

国家环境保护总局,2002. 水和废水监测分析方法(第4版)[M]. 北京:中国环境科学出版社.

胡晓娟,张俊,杨宇峰,2010. 珠江广州河段水质及微生物周年变化特征[J]. 安全与环境学报, 10(3): 89-93.

黄秀清,彭立功,1993. 长江口水域异养细菌及粪大肠菌群的生态分布[J]. 海洋环境科学, (1): 29-34.

焦春香,刘东平,陶景丽,等,2010. 大理洱海水体粪大肠菌群污染状况初步调查[J]. 大理学院学报, 9(8): 29-30.

焦俊鹏,章守宇,杨红,等,2000. 杭州湾粪大肠杆菌和异养细菌的分布特征及其环境因子[J]. 上海海洋大学学报, 9(3): 209-213.

江磊,朱德军,陈永灿,等,2015. 我国地表水体粪大肠菌群污染现状分析[J]. 水利水电科技进展, 35(3): 11-18.

吕怡兵,宫正宇,连军,等,2007. 长江三峡库区蓄水后水质状况分析[J]. 环境科学研究, 20(1): 1-6.

商君阳,周霜艳,王中华,等,2016. 降雨对秦皇岛西浴场细菌总数和可培养菌群组成的影响[J]. 微生物学通报, 43(6): 1227-1234.

沈晓盛,全为民,施利燕,等,2010. 南汇边滩大肠菌群、粪大肠菌群、大肠杆菌分布特征及其与环境因子的关系[C]. Proceedings of 2010 First International Conference on Cellular, Molecular Biology, Biophysics and Bioengineering(Volume 4).

孙霞,蒋廉华,卢新,2014. 3 种方法检测食品中菌落总数的比较[J]. 中国卫生检验杂志, (9): 1250-1251.

王鹏,陈多多,陈波,2015. 赣江水体氮磷营养盐分布特征与污染来源[J]. 江西师范大学学报(自然科学版), (4): 435-440.

王迎春,2011. “十一五”大连市海水浴场水质状况分析[J]. 科技传播, (21): 66-67.

张崇森,王晓昌,周进宏,等,2012. 城市地表水中肠道病原微生物与粪便污染指示菌的关系研究[J]. 环境科学学报, 32(11): 2789-2794.

张媛,2006. 兰州市区地表径流污染初探[D]. 兰州:兰州大学.

Acosta-Martinez V, Tabatabai M A, 2000. Enzyme activities in a limed agricultural soil[J]. Biology & Fertility of Soils, 31(1): 85-91.

Byamukama D, Mach R L, Kansime F, et al, 2005. Discrimination Efficacy of Fecal Pollution Detection in Different Aquatic Habitats of a High-Altitude Tropical Country, Using Presumptive Coliforms, Escherichia coli, and Clostridium perfringens Spores[J]. Applied & Environmental Microbiology, 71(1): 65-71.

Ferguson A S, Layton A C, Mailloux B J, et al, 2012. Comparison of fecal indicators with pathogenic bacteria and rotavirus in groundwater[J]. Science of the Total Environment, 431(5): 314-322.

Nixdorf B, Jander J, 2003. Bacterial activities in shallow lakes-a comparison between extremely acidic and alkaline eutrophic hard water lakes[J]. Hydrobiologia, 506/509(1/3): 697-705.

Pan X, Jones K D, 2012. Seasonal variation of fecal indicator bacteria in storm events within the US stormwater database[J]. Water Science & Technology A Journal of the International Association on Water Pollution Research, 65(6): 1076-80.

Distributions of Coliform and Fecal Coliform in Three Urban Rivers
and the Influence of Environmental Factors

XU Xiao-xuan¹, KANG Li-juan², YE Jian-feng², CHEN Bo-zhen³, JIAO Zheng¹

(1.Shanghai University, Institute of Environmental and Chemical Engineering,
Shanghai 200444,P.R.China;

2.Shanghai Academy of Environmental Sciences, Shanghai 200233,P.R.China;

3.Shanghai Qibao Dwight High School, Shanghai 201101,P.R.China)

Abstract: Microbial contamination by water-borne pathogens is one of the most serious health hazards in the world today and a key determinant of surface water quality. Previous studies have shown that the overall water environment is poor in urban rivers and stormwater runoff is frequently the primary source of bacteria. In this study, the water quality and indicator microorganisms in three urban rivers in central Shanghai City, with different nutritional status and primary functions, were monitored following five rain-falls during the flood season of 2017. The distribution of pathogenic microorganisms and their correlation with environmental factors were analyzed during precipitation events and in dry weather. Water samples were collected at five sites in the three rivers: Sites A-C were in River a and located, respectively, 500 m above a pumping station outfall, in the mixing area of the outfall and 500m below the outfall; Site D and E were located in the middle reach of Rivers b and c. Two water samples were collected at each site, one for determination of water quality parameters (SS, COD_{Cr}, BOD₅, TP, TN and NH₃-N) and the other for determination of microbiological indicators, fecal coliform (FC) and total coliforms (TC). The average fecal coliform count in River a was 1.72×10^3 MPN/mL in dry weather and 3.34×10^3 MPN/mL during rain, neither meeting the Class V water quality standard. The average fecal coliform counts in River b and c remained at 10^2 MPN/mL in both dry and wet weather. In dry weather, the average coliform count in River a was 5.15×10^3 CFU/mL, two orders of magnitude higher than in River b (30 CFU/mL) and River c (99 CFU/mL). In wet weather, the average coliform count in River a was 1.04×10^5 CFU/mL, 289 CFU/mL in River b and 147 CFU/mL in River c. Rainfall increased fecal coliform and coliform counts in all three rivers, but the increase in counts was significantly higher for coliform than fecal coliform. The correlation between fecal coliform and environmental factors was different from the correlation between coliform and environmental factors, but both displayed a significant positive correlation with TN, TP and NH₃-N. These results indicate that controlling nitrogen and phosphorus levels can significantly reduce the proliferation of pathogenic microorganisms. This study provides basic data for evaluating the current condition and health risk of urban rivers.

Key words: urban rivers; fecal coliform; coliform; bacterial distribution; environmental factors