

# 中国水环境微生物污染研究进展

李珂<sup>1</sup>, 张洪勋<sup>2</sup>, 余志晟<sup>2\*</sup>, 曾凤娟<sup>3</sup>

1. 华北水利水电大学水资源学院, 郑州 450046
2. 中国科学院大学资源与环境学院, 北京 100049
3. 中国建筑第七工程局有限公司, 郑州 450000

**摘要** 从水环境微生物的种类出发, 梳理了典型微生物的致病特征及其感染风险; 比较了中国相关标准中指示性微生物种类与美国及欧盟的差异, 并分析了中国7大流域中指示性微生物与病原微生物的相关性; 基于污染微生物的来源明确了影响水环境中微生物污染的主要因素; 对水环境中微生物的检测方法和应用现状进行综述。总体而言, 中国各大流域均受到微生物的污染, 完善和提高相关水质标准中的微生物指标, 控制水环境中微生物的污染源, 提高微生物的检出能力, 对水环境中微生物污染的防治工作具有积极意义。

**关键词** 微生物污染; 指示性微生物; 病原微生物; 水环境

水体中存在种类繁多的微生物, 其中大部分是无害、且是对水生生态系统发挥正常功能必不可少的, 但也存在可引发腹泻、肠胃炎、肺炎、伤寒等多种疾病的致病微生物, 可能给大范围人群健康带来威胁<sup>[1]</sup>。2002年以来, 中国地表水质持续向好, 但值得注意的是, 中国《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002)中仅有粪大肠菌群一项微生物指标, 并且对地表水的评估多依据其中的21项常规指标, 不包括任何微生物指标。如果综合考虑微生物指标, 那么中国大部分水体的水质达标情况将下降<sup>[2]</sup>。地表水微生物污染不仅加剧了中国的水资源短缺, 也威胁到水生生态系统和人类的健康<sup>[3-5]</sup>。目

前中国地表水环境微生物控制标准和国外发达国家相比仍有差距, 并且由于水体微生物分布存在地域性差异, 国外的研究成果不能直接应用于中国<sup>[2, 6-8]</sup>, 因此广泛开展水环境微生物污染的相关研究, 对于促进中国水环境微生物污染的防治和保障水质安全具有重要意义。

## 1 病原微生物种类

截至目前, 已发现的水体病原微生物高达1400多种<sup>[9]</sup>, 包括细菌、病毒、原生动物和真菌等, 这些病原微生物可经饮食、呼吸、皮肤接触等途径感

收稿日期: 2020-05-12; 修回日期: 2021-06-21

基金项目: 国家重点研发计划课题(2016YFC0503601); 河南省青年自然科学基金项目(212300410194)

作者简介: 李珂, 讲师, 研究方向为环境微生物, 电子信箱: keli1103@126.com; 余志晟(通信作者), 教授, 研究方向为环境微生物学、固废资源的生物利用与环境污染损害评估, 电子信箱: yuzs@ucas.ac.cn

引用格式: 李珂, 张洪勋, 余志晟, 等. 中国水环境微生物污染研究进展[J]. 科技导报, 2021, 39(15): 110-116; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2021.15.011

染人类,导致肠道、呼吸道疾病,甚至发生传染病。

病毒的大小仅为0.01~0.1  $\mu\text{m}$ ,水体中的致病病毒包括DNA病毒(如腺病毒)和RNA病毒(如肠病毒、诺瓦克病毒、肝炎病毒、轮状病毒和星状病毒等),可引发人类发热、心脏病、肝炎、脑膜炎和呼吸道感染等疾病<sup>[10]</sup>。此外,2003年由冠状病毒SARS-CoV引起的重症急性呼吸综合征和2019年由2019-nCoV引起的新冠状病毒肺炎的部分患者的粪便中检测到了病毒,由此推测地表水环境有受冠状病毒污染的风险<sup>[11]</sup>,水环境中的病毒普遍存在于各类地表水体中<sup>[12]</sup>。此外,水环境中的病毒还具有存活时间久、感染风险大等特点。

细菌的大小一般为0.1~10  $\mu\text{m}$ ,水体中致病细菌引发疾病传播的事件最为常见,常见的致病细菌包括沙门氏菌、志贺氏菌、弯曲菌属、大肠杆菌、军团菌属、螺旋杆菌和弧菌等,可引发腹泻、神经系统疾病、出血性结肠炎、呼吸道疾病等的发生<sup>[13]</sup>。除了少部分细菌能够产生孢子外,大部分细菌在水体中存活的时间不长。

原生动物的大小为1~100  $\mu\text{m}$ ,水体中常见的致病原动物包括隐孢子虫、贾第虫等,可引发腹泻等疾病,由于原动物能够通过产生卵囊增加其在环境中的存活率。此外,福氏纳格里阿米巴原虫由于较高的致死率也受到重视<sup>[13]</sup>。水环境中的病原真菌的研究相对较少,截至目前,在水体中发现的真菌的数目超过400多种,仅发现其中46种真菌生物安全等级为2级(对个体有中低危险,对群体的危险度低)<sup>[14]</sup>,致病性真菌通常引发人类的皮肤问题。

## 2 指示性微生物指标

### 2.1 相关标准中的微生物指标

由于水环境中病原微生物种类多且浓度较低,常采用指示性微生物来评价水体的微生物污染状况、健康风险和来源。中国《生活饮用水卫生标准》(GB5749—2006)中的微生物指标包括总大肠菌群、耐热大肠菌群、大肠埃希氏菌、菌落总数、贾第鞭毛虫、隐孢子虫等6项指标,其中隐孢子虫、贾第

鞭毛虫等指标在WHO、欧盟水质标准中还不常见。然而美国的饮用水微生物指标种类则比中国多,其将异养菌总数、病毒含量、军团菌和水体浊度等列入微生物控制指标<sup>[15]</sup>。

目前,中国所使用的《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002)仅将粪大肠菌群列为检测指标<sup>[16]</sup>。美国环境保护署(USEPA)颁布的地表有关水体的微生物指标包括总大肠菌群、粪大肠菌群、肠球菌和大肠杆菌。欧盟的水环境标准中所用到的微生物指标包括总大肠菌群、粪大肠菌群、粪链球菌、沙门氏菌、肠道病毒、肠球菌和大肠杆菌等<sup>[2]</sup>。由此可见,中国地表水中的微生物标准与美国、欧盟的微生物标准有较大的差距。并且中国地表水微生物标准的制定主要参考其他发达国家,缺乏中国水生态相关数据作为支持<sup>[6,17-18]</sup>。由于中国与其他国家的水生生物结构存在差异,仅参考他国的水质基准来制定中国的微生物标准,缺乏科学依据<sup>[19]</sup>。由于《地表水环境质量标准》(GB 3838—2002)是中国控制水体污染和保护水生态的主要依据,是环境执法部门实施环境管理的依据,因此亟需加强对中国相关标准中微生物指标的深入研究。

### 2.2 指示性微生物与病原微生物的相关性

指示性微生物与病原微生物的相关性研究是评价指示性微生物可靠性的重要依据。表1中列出了近年来中国在海河流域<sup>[20-24]</sup>、淮河流域<sup>[19]</sup>、珠江流域<sup>[25-26]</sup>、长江流域<sup>[27]</sup>、松辽流域<sup>[28]</sup>、鄱阳湖<sup>[29]</sup>及部分城市地表水体<sup>[12]</sup>开展的相关研究工作。这些研究中常用到的指标性微生物包括总细菌(Total bacteria)、总大肠菌群(Total Coliform)、粪大肠菌群(Fecal Coliform)、大肠埃希氏菌(*Escherichia coli*)和肠球菌(*Enterococcus*)。而产气荚膜梭菌(*Clostridium perfringens*)、双歧杆菌菌属(*Bifidobacterium*)、脆弱拟杆菌 HSP40 噬菌体(*Bacteroides fragilis* HSP40 phage)、F-RNA 噬菌体和人类肠道病毒(Human enterovirus)等比较常见的指示性微生物则较少使用<sup>[6]</sup>。上述研究表明指示性微生物的可靠性与水体的污染程度关系较大:当水体中病原微生物的检出率高时,指示微生物与病原微生物的相关性较高,如在海河流域、珠江流域和长江流域均检测出某些

指示性微生物与病原微生物具有显著的相关性;但是当所采集的样品数量少,且水体病原微生物浓度较低,则监测不出相关性,如陈雍哲对淮河流域20

个样品的监测中,仅在淮河南岸的1个样品中监测到弧菌,因此相关性分析也无法进行<sup>[19]</sup>。

表1 中国不同流域指示性微生物与病原微生物的相关性

位点	样本量	污染程度	病原菌	指示性微生物	相关性	文献
海河流域	80	严重	SC 噬菌体	粪大肠菌、大肠埃希氏菌、肠球菌	指示性微生物之间有相关性,SC噬菌体与指示性微生物也有相关性	[20]
	84	严重	沙门菌、诺如病毒	粪大肠菌、粪大肠菌群、F(+ )噬菌体、通用拟杆菌	拟杆菌与诺如病毒呈现正相关,粪大肠菌群与沙门菌之间呈正相关	[21]
	48	部分严重	肠病毒、轮状病毒、星状病毒、诺如病毒、腺病毒	总大肠菌群、粪大肠菌群、非自养微生物	总大肠菌群与肠病毒有相关性	[22]
	80	严重	大肠杆菌噬菌体	总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希氏菌、肠球菌	无相关性	[23]
	84	严重	沙门氏菌、大肠杆菌、溶血性弧菌、腺病毒、诺瓦克病毒、肠病毒、轮状病毒、脊髓灰质炎病毒	拟杆菌、总细菌、总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希氏菌、肠球菌	拟杆菌与水体致病菌总量呈正相关	[24]
淮河流域	20	部分严重	大肠杆菌、沙门氏菌、弧菌、志贺氏菌	总大肠菌群、细菌总数、粪大肠菌群、大肠埃希氏菌、肠球菌	仅在淮河南岸发现霍乱弧菌,无相关性	[19]
	45	未知	人、牛、猪、鸡源拟杆菌	总细菌、大肠埃希氏菌、粪大肠菌群	人源拟杆菌属与指示性微生物相关性显著	[25]
珠江流域	20	严重	沙门菌、志贺菌、弧菌、大肠杆菌	菌落总数、总大肠菌群、粪大肠菌群、肠埃希菌、肠球菌	致病菌总数与总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希菌和肠球菌呈正相关	[26]
	31	严重	拟杆菌	大肠菌群、粪肠菌群	拟杆菌与大肠菌群、粪肠菌群显著相关性	[31]
长江流域	60	严重	沙门氏菌	菌落总数、总大肠菌群、耐热大肠菌群、大肠埃希菌、肠球菌	耐热大肠杆菌与沙门氏菌的相关性最高	[27]
松辽流域	46	部分严重	志贺氏菌、沙门菌、弧菌、大肠杆菌	菌落总数、大肠埃希菌、肠球菌	总大肠菌群与粪便污染菌正相关,肠球菌与肠道致病菌正相关	[28]
鄱阳湖	27	部分严重	沙门氏菌、金黄色葡萄球菌、志贺氏菌	菌落总数、总大肠菌群、肠球菌、粪大肠球菌	总大肠菌群与沙门氏菌正相关性	[29]
西安市	83	部分严重	肠道病毒、伤寒沙门氏菌、志贺氏菌、大肠埃希氏菌	细菌总数、大肠菌群、粪大肠菌群	指示菌含量高的位点致病菌的检出率高	[12]

Wu等<sup>[30]</sup>对1970—2009年间出版的有关指示性微生物和病原微生物相关性的文章进行总结,指出采用指示性微生物来评价水体的微生物污染现状有一定的局限性,其数据的可靠性与数据量有关,对于长期检测的水体指示菌可靠性高,但对于短期的检测数据可靠性较低。因此,虽然中国已经展开大量的研究,但缺乏持续性的检测数据,具体何种微生物适合作为指示性微生物仍需要深入探究。

此外,在中国近年来的研究中,拟杆菌作为指示性微生物与水体微生物污染的相关性较好<sup>[21, 24-25, 31-32]</sup>,是否可运用拟杆菌作为水体微生物污染的指标值得进一步的研究。

### 3 影响水环境微生物污染的因素

中国不同流域的河流、湖泊均受到微生物污染的威胁<sup>[23, 26, 28, 33-38]</sup>。地表水体的微生物污染受多种因素影响,如生活污水、污水处理厂排水、畜禽养殖和城市暴雨径流等。

随着中国城镇化水平的提高,城镇污水量逐渐增加,污水处理厂的处理量不足及城市雨污分流不完善的现象仍有发生,未经处理的生活污水排入河道是导致水体微生物污染的重要原因之一<sup>[36]</sup>。庄芳芳等<sup>[39]</sup>对厦门市后溪流域的微生物污染现状研究表明,受旧城区居民生活生产的影响,该区域粪便污染和病原微生物污染最严重。

近年来,因河流自然补给过程弱化,污水处理厂的出水成为越来越多河流的常态补给。Cai等<sup>[40]</sup>研究污水处理厂出水微生物组成发现,污水处理厂出水的潜在病原微生物最高可达75个属。含有大量病原微生物的水体排放到地表水体给人类健康带来巨大威胁。位于海河流域的温榆河(北京市境内)是典型的污水处理厂出水补给河流,其中清河污水处理厂出水与上游温榆河干流来水之比为1.53:1,导致温榆河段绝大多数检测断面的粪肠球菌浓度远远超出地表水V类标准限值,该河段单次暴露的健康风险比上游高出50%<sup>[20, 41]</sup>。

畜禽养殖导致的粪便污染是地表水体微生物污染的重要因素之一。吉立等<sup>[42]</sup>对2011—2015年

中国水污染事件统计发现由养殖排污引起的微生物污染事件占3.2%。近年来发展起来的微生物溯源(microbial source tracking, MST)可识别来源于牛、猪、鸟等动物的粪源微生物,提高了水环境粪便污染的认识<sup>[8]</sup>。张杨等对西江流域微生物污染进行定量源解析,发现生活污水、猪源及禽类粪便污染较为严重,牛源污染的影响较小<sup>[43]</sup>。此外水环境微生物污染还受航运等的影响,如史雯沁等<sup>[44]</sup>对杭州市水源微生物污染状况调查显示,受航运的影响,京杭运河杭州段的粪大肠菌群检出值最高。

此外,医疗废物和废水中含有大量的病原微生物,对水质安全造成极大威胁,尤其在传染病高发期间,应加强对医疗废物及污水处置的监管,以确保水质安全。

### 4 水环境微生物检测

水环境中微生物的检测对于预防微生物污染具有重要的意义。目前常见检测方法包括培养法、免疫法、核酸检测法。培养法是应用最早也最广泛的检测方法,具有操作简单和节省成本等优点,目前中国的《生活饮用水卫生标准》(GB5749—2006)和《地表水环境质量标准》(GB3838—2002)中的微生物检测仍是以培养法为基础。表1中的13项研究中全运用到培养法。国外发达国家的相关水质标准中,以培养法为基础的检测方法仍然是主要方法<sup>[2]</sup>。然而在人们对水环境质量的高需求下,培养法的灵敏度低及操作耗时等缺点更加突出。随着微生物检测技术的更新,不可培养微生物的存在被广泛认知,培养法已不能满足水体微生物的检测需求<sup>[9]</sup>。

近年来,免疫法和核酸检测法的发展都极大的提高了水环境中可培养和不可培养微生物的检测水平。免疫法包括酶联免疫吸附检测法(ELISA)、免疫层析技术、免疫磁珠分离法、免疫荧光法、乳胶凝集实验、酶联免疫荧光法(ELFA)、免疫印迹法等,是基于抗原和抗体之间的特异性识别<sup>[45]</sup>。随着计算机和电子芯片技术的发展,将ELISA和ELFA的原理纳入微芯片设计中,可在15 min内识别特

定微生物<sup>[46]</sup>。目前,采用免疫法监测水体中的大肠杆菌研究较多<sup>[47]</sup>,其他微生物则较少涉及。免疫法的特异性和灵敏度较高,但是仍面临价格高、耗时、易受其他物质影响等问题,因此未被广泛应用<sup>[2,9,48]</sup>。

核酸检测法主要包括实时定量PCR(qPCR)、反转录实时定量PCR(RT-qPCR)、基于核酸探针的分子杂交技术、DNA测序等技术,其中尤以qPCR和RT-qPCR的应用最为广泛,可检测病毒、细菌和原生动物,并能够对特定的病原微生物和具有特定分子标记的微生物进行溯源。核酸检测法具有灵敏度高、快速、可提供微生物定量信息等特点,目前已被广泛应用<sup>[10,49]</sup>,是培养法的主要补充。核酸检测法促进了微生物溯源技术的发展,可通过qPCR、DNA微阵列技术和DNA高通量测序技术分析水体微生物种类进行溯源,如以大肠杆菌的STII毒力基因作为猪源粪便污染指示物,采用PCR方法可有效地监测环境水体中猪源粪便污染<sup>[8]</sup>。但是分子法不能确定微生物的致病性,测定结果受操作程序影响并且易产生误差,因此仍不能替代培养法。在未来的研究中,随着PCR相关技术的优化,PCR检测方法和培养方法的相关性研究的完善,分子法将在水环境微生物的监测中得到更广泛的应用。除上述检测方法外,细菌-ATP测定技术、基于流式细胞仪的微流控技术、基于光纤的生物传感器技术、生物光电传感器系统等技术也在不断发展,研究不同检测技术间的相关性和差异性,并与传统的培养方法相关联,可为水环境微生物污染的预警系统提供参考。

## 5 结论

中国各大流域受到微生物的污染的相关报道显示,完善及提高相关水质标准中的微生物指标,对于控制水体微生物污染具有积极意义。由于可引发水环境污染的微生物种类多,常采用指示性微生物来表征水体微生物的污染程度,指示性微生物的选择尤为重要。目前已开展的研究表明,大量样本数和持续的检测数据是研究指示性微生物与水体中微生物污染状况相关性的关键,可指导指示性

微生物的选择。水体微生物的污染易受生活污水、污水处理厂出水、养殖废水、航运等影响,该区域应该加强监测。随着分子生物学技术的发展,对水体中污染微生物的认知不断增加,但是分子生物学的方法和培养法所获得的结果仍无法直接对应。随着人类对水环境质量要求的提高,在未来的研究中,应该更注重提高水体中微生物的检测能力,考虑具有抗生素抗性基因的微生物对人类的威胁,提高中国水环境质量。

## 参考文献(References)

- [1] 苗静. 水中人类肠病毒污染的预测新技术研究[D]. 北京: 军事科学院军事医学研究院, 2019.
- [2] 陈亚楠, 王亚炜, 魏源送, 等. 不同功能地表水体中病原微生物指示物的标准比较[J]. 环境科学学报, 2015, 35(2): 337-351.
- [3] 杨勇, 魏源送, 郑祥, 等. 北京温榆河流域微生物污染调查研究[J]. 环境科学学报, 2012, 32(1): 9-18.
- [4] Pandey P K, Philip H K, Michelle L S, et al. Contamination of water resources by pathogenic bacteria[J]. AMB Express, 2014, 4(1): 1-16.
- [5] Dunn G, Harris L, Cook C, et al. A comparative analysis of current microbial water quality risk assessment and management practices in British Columbia and Ontario, Canada[J]. Science of the Total Environment, 2014, 468: 544-552.
- [6] 满江红, 王先良, 杨永坚, 等. 我国地表水环境微生物基准研究现状[J]. 环境与健康杂志, 2012, 29(1): 82-84.
- [7] 贾乐华. 珠三角地区水体微生物污染溯源技术研究[D]. 广州: 华南理工大学生物科学与工程学院, 2016.
- [8] 许又分, 李宗, 刘如钢, 等. 水环境微生物溯源技术的研究和应用进展[J]. 生物技术通报, 2019, 35(9): 35-44.
- [9] Bhardwaj N, Bhardwaj S K, Bhatt D, et al. Optical detection of waterborne pathogens using nanomaterials[J]. Trends in Analytical Chemistry, 2019, 113: 280-300.
- [10] Girones R, Antonia F M, Luis A J, et al. Molecular detection of pathogens in water—the pros and cons of molecular techniques[J]. Water Research, 2010, 44(15): 4325-4339.
- [11] Holshue M L, DeBolt C, Lindquist S, et al. First case of 2019 novel coronavirus in the United States[J]. New England Journal of Medicine, 2020, 382: 929-936.
- [12] 张崇森, 王晓昌, 周进宏, 等. 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, 2012, 32(11): 2789-2794.
- [13] Reynolds K A, Mena K D, Gerba C P, et al. Risk of waterborne illness via drinking water in the United States [J]. *Reviews of Environmental Contamination and Toxicology*, 2008, 192: 117-158.
- [14] Babic M N, Zupancic J, Brandao J, et al. Opportunistic water-borne human pathogenic filamentous fungi unreported from food[J]. *Microorganisms*, 2018, 6(3): 79.
- [15] 杨晶晶, 赵吉, 周清, 等. 国内外生活饮用水水质标准比较和建议[J]. 中国给水排水, 2016, 32(17): 119-124.
- [16] 地表水环境质量标准 (GB3838—2002)[S]. 北京: 国家环保总局. 2002.
- [17] 李会仙, 吴丰昌, 陈艳卿, 等. 我国水质标准与国外水质标准/基准的对比分析[J]. 中国给水排水, 2012, 28(8): 15-18.
- [18] 孟伟, 张楠, 张远, 等. 流域水质目标管理技术研究(II)——水环境基准、标准与总量控制[J]. 环境科学研究, 2008, 28(1): 1-8.
- [19] 陈雍哲. 淮河流域水体微生物指标的检测与分析[D]. 武汉: 华中科技大学, 2012.
- [20] 王江权, 康救, 郑祥, 等. 海河流域典型河流粪源性指示微生物的污染特征及其时空分布[J]. 环境科学学报, 2017, 37(1): 138-145.
- [21] 李超, 许蕊, 杨继平, 等. 海河流域水体诸如病毒与新型指示微生物的相关性研究[J]. 环境与健康杂志, 2017, 34(4): 309-312.
- [22] Miao J, Guo X, Liu W, et al. Total coliforms as an indicator of human enterovirus presence in surface water across Tianjin city, China[J]. *BMC Infectious Diseases*, 2018, 18: 542.
- [23] Wang Y, Chen Y, Xiang Z, et al. Spatio-temporal distribution of fecal indicators in three rivers of the Haihe River Basin, China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2017, 24(10): 9036-9047.
- [24] Zhou S, Yang D, Xu Q, et al. Presence of bacteroidales as a predictor of human enteric viruses in Haihe River of Tianjin City, China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2019, 26(8): 8169-8181.
- [25] 张杨, 吴仁人, 张一敏, 等. 珠三角河网地区粪便污染源解析[J]. 中国环境科学, 2017, 37(9): 3446-3454.
- [26] 湛志强, 王新为, 金敏, 等. 珠江水域微生物的分布特征[J]. 环境与健康杂志, 2012, 29(10): 913-916.
- [27] 傅爽. 长江武汉段地表水指示微生物与致病菌相关关系的研究与分析[D]. 武汉: 华中科技大学, 2012.
- [28] 孙启明. 松辽流域六河流细菌学评价与指示菌研究[D]. 北京: 中国疾病预防控制中心, 2011.
- [29] 李文华. 候鸟栖息地微生物污染特征及其与环境影响因素的关系研究[D]. 南昌: 南昌航空大学, 2014.
- [30] Wu J, Long S C, Das D, et al. Are microbial indicators and pathogens correlated? A statistical analysis of 40 years of research[J]. *Journal of Water and Health*, 2011, 9(2): 265-278.
- [31] 武兵文. 珠江广州段粪便污染指示菌介水传播过程中的分布特征[D]. 杭州: 浙江工商大学, 2018.
- [32] 梁红霞, 余志晟, 刘如钢, 等. 基于拟杆菌 16S rRNA 基因进行微生物溯源的研究进展[J]. 中国环境科学, 2018, 38(11): 238-247.
- [33] 李凤娟. 郑州市城区地表水中粪源性微生物分布及抗性特征研究[D]. 郑州: 河南农业大学, 2013.
- [34] 王德东, 钟崑, 周金华, 等. 广州市4类水源水中耐热大肠菌群监测结果分析[J]. 医学动物防制, 2019, 35(6): 594-597.
- [35] Xiao G, Wang Z, Chen J, et al. Occurrence and infection risk of waterborne pathogens in Wanzhou watershed of the Three Gorges Reservoir, China[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2013, 25(9): 1913-1924.
- [36] Yuan T, Vadde K K, Tonkin J D, et al. Urbanization impacts the physicochemical characteristics and abundance of fecal markers and bacterial pathogens in surface water[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2019, 16(10): 1739.
- [37] 满江红. 中国华北西北地区地表水微生物指标调查及研究[D]. 合肥: 安徽医科大学, 2013.
- [38] 钱岩, 满江红, 王先良, 等. 山东主要河湖地表水微生物学指标调查[J]. 环境与健康杂志, 2013, 30(3): 241-243.
- [39] 庄芳芳, 苏建强, 陈辉煌, 等. 基于高通量定量 PCR 研究城市化小流域微生物污染特征[J]. 生态毒理学报, 2017, 12(05): 141-152.
- [40] Cai L, Feng J, Zhang T. Tracking human sewage microbiome in a municipal wastewater treatment plant[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2014, 98(7): 3317-3326.
- [41] 陈晨, 王曼娜, 王江权, 等. 基于指示菌的温榆河微生物健康风险评估[J]. 环境科学学报, 2017, 37(8): 3177-3184.
- [42] 吉立, 刘晶, 李志威, 等. 2011—2015年我国水污染事件及原因分析[J]. 生态与农村环境学报, 2017, 33(9): 775-782.
- [43] 张杨, 吴仁人, 杨戈, 等. 西江流域地表水微生物污染定量源解析[J]. 中国环境科学, 2018, 38(10): 3889-

- 3896.
- [44] 史雯沁, 张仲阳, 钟丽珏, 等. 杭州市水源微生物及相关理化指标状况调查[J]. 中国卫生检验杂志, 2016, 26(4): 585-586.
- [45] 刘京梅, 张凌, 赵君, 等. 饮用水中大肠菌群检测技术的研究进展[J]. 环境卫生学杂志, 2006, 33(2): 117-121.
- [46] 廖伟, 杨蓉, 徐建, 等. 饮用水源微生物快速检测技术的发展及应用[J]. 中国环境监测, 2020, 36(6): 104-112.
- [47] 刘慧杰. 电化学免疫分析用于水体中大肠杆菌检测的研究[D]. 上海: 华东师范大学, 2010.
- [48] Zhao X, Tao D, Zhang Z, et al. Compatible immuno-NAS-BA LOC device for quantitative detection of waterborne pathogens: design and validation[J]. Lab on A Chip, 2012, 12(3): 602-612.
- [49] 疏义林, 万琴, 张雪峰, 等. PCR及其衍生技术对水中病原体检测的研究进展[J]. 环境科学与技术, 2015, 38(12Q): 172-180.

## Research status of microbial pollution in Chinese water environment

LI Ke<sup>1</sup>, ZHANG Hongxun<sup>2</sup>, YU Zhisheng<sup>2\*</sup>, ZHENG Fengjuan<sup>3</sup>

1. College of Water Resource, North China University of Water Resources and Electric Power, Zhengzhou 450046, China
2. College of Resource and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China
3. China Construction Seventh Engineering Division Corporation Limited, Zhengzhou 450000, China

**Abstract** The microbial pollution in water environment would induce intestinal and respiratory diseases, threatening human's health. More and more attention had been paid to the pollution situation and detection methods of microorganisms in water environment. Based on the categories of water environment microorganisms, this study briefly introduced the characteristics and infection risk of pathogens. The indicative microorganisms in Chinese water quality standards were summarized and compared to that in USA and EU. The main factors affecting the microbial pollution in water environments were made clear based on the sources of microbial pollution. The detection methods of water environment microorganisms and their application status were reviewed. In brief, all the seven watersheds are contaminated by microorganisms. It would positively improve the prevention and control work of microbial pollution by improving the indicative microorganisms in relative water quality standards, controlling the sources of microbial pollution, and enhancing the detectability of microbial pollution.

**Keywords** microbial pollution; indicator microorganism; pathogenic microorganism; water environment ●



(责任编辑 徐丽娇)