

DOI: 10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2020.21.003

微污染物对饮用水管网中微生物再生长的影响

沈怡^{1,2}, 王海波², 胡春³, 赵丹¹

(1. 苏州科技大学 环境科学与工程学院, 江苏 苏州 215011; 2. 中国科学院 生态环境研究中心, 北京 100085; 3. 广州大学 大湾区环境研究院, 广东 广州 510006)

摘要: 通过对自来水厂砂滤出水添加磺胺嘧啶和环丙沙星的方法, 研究了不同微污染物对管网出水自由悬浮的微生物包括致病菌再生长的影响。首先通过定量 PCR 分析发现, 微污染物的存在降低了分枝杆菌属、军团菌属、嗜肺军团菌和铜绿假单胞菌的含量。但是, 总细菌 16S rRNA、棘阿米巴变形虫、哈氏虫和鸟分枝杆菌含量增加, 尤其是复合污染条件下这些微生物的增加更明显。另外, 通过对不同管网出水微生物分泌的胞外多聚物(EPS)以及抗药基因进行分析发现, EPS 中多糖和蛋白质及外排泵基因 *mexA*、整合子基因 *int1* 和抗磺胺嘧啶基因 *sul1*、*sul2*、*sul3* 是导致微生物增加的主要原因。因此, 为了更好地控制管网水质, 应进一步采取有效措施去除水源水中的微污染物。

关键词: 微污染物; 微生物再生长; 条件致病菌; 胞外多聚物; 抗药基因

中图分类号: TU991 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2020)21-0015-06

Effect of Micro-pollutants on Bacterial Regrowth in Drinking Water Pipelines

SHEN Yi^{1,2}, WANG Hai-bo², HU Chun³, ZHAO Dan¹

(1. School of Environmental Science and Engineering, Suzhou University of Science and Technology, Suzhou 215011, China; 2. Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 3. Institute of Environmental Research at Greater Bay, Guangzhou University, Guangzhou 510006, China)

Abstract: Effect of different micro-pollutants on the regrowth of free-living bacteria including pathogens was studied, based on the method of adding sulfadiazine and ciprofloxacin to the effluent of sand filtration in water treatment plant. Firstly, the addition of micro-pollutants decreased the amounts of *Mycobacterium* spp., *Legionella* spp., *Legionella pneumophila* and *Pseudomonas aeruginosa*. However, the amounts of 16S rRNA, *Acanthamoeba* spp., *Hartmannella vermiformis* and *Mycobacterium avium* increased. The amounts of these bacteria increased obviously, especially when sulfadiazine and ciprofloxacin were added to the water simultaneously. Moreover, the extracellular polymeric substances (EPS) and antibiotic resistance genes (ARGs) in the effluent of drinking water pipelines were also studied. The results indicated that the polysaccharide and protein in the EPS and ARGs including *mexA*, *int1*, *sul1*, *sul2* and *sul3* were the main factors for the increase of the bacterial amounts in the effluent. In order to effectively control the water quality of the pipelines, further measures should be conducted to remove the micro-pollutants in the source water.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(51878654、51838005); 中国科学院重点前沿课题(QYZDY-SSW-DQC004)
通信作者: 王海波 E-mail: hbwang@rcees.ac.cn; 赵丹 E-mail: 2285431495@qq.com

Key words: micro-pollutant; bacterial regrowth; opportunistic pathogen; extracellular polymeric substances; antibiotic resistance gene

目前,国内外在水库、河流水体中均发现了 $\mu\text{g/L}$ 或 ng/L 级的磺胺类和氟喹诺酮类等微量污染物^[1]。这些微量污染物经过自来水厂不同工艺处理后在出厂水和龙头水中仍然被检测到 ng/L 的含量^[2-3]。有研究已经证实传统工艺像混凝、沉淀对微污染物的去除率非常低,而砂滤有一定的去除效果,但主要是加氯消毒过程中氯的氧化作用,该氧化反应能去除 90% 以上的微污染物^[3],并且产物主要是这些微污染物的氯化产物^[4]。这些微污染物进入管网后,会引起微生物尤其是致病菌的再生长繁殖。即使在管网中维持一定浓度的消毒剂,仍存在管网出水微生物含量增加的现象。微污染物的存在,使得水体微生物产生了抗药基因^[5],并影响微生物分泌的胞外多聚物(EPS)的组成^[6-7],从而影响微生物的再生长繁殖。

近年来,管网水的微生物安全性受到越来越多的关注。目前,微污染物对微生物的再生长繁殖,尤其是管网末端龙头水中一些条件致病菌的再生长繁殖的影响研究较少,也缺乏相应的标准。鉴于水厂出水经过管网输配以后可能出现的污染及致病菌问题,对现有给水管网的水质进行预测评估是非常必要的。为此采用模拟管网通过研究不同微污染物存在条件下管网长期运行达到稳定状态后的微生物再生长情况,探究微生物包括致病菌的再生长机理,为实际管网运行过程中致病菌的控制提供理论指导。

1 实验材料与方法

1.1 实验装置

采用 4 个 1.2 L 烧杯进行管网模拟实验,每个烧杯里固定 10 根铸铁片(80 mm × 15 mm × 5 mm),铸铁片的 C、O、Si、P、S、Fe、Cu、Mn、Zn 质量分数分别为 3.25%、1.63%、2.23%、0.08%、0.10%、90.48%、0.76%、0.72% 和 0.75%,为更快地形成腐蚀产物,铸铁片与水接触的一面没有进行防腐处理,其他面用环氧树脂进行处理。该实验前 4 个模拟管网已平行运行 3 年,铸铁片已形成稳定的腐蚀产物及生物膜,腐蚀产物以 $\alpha\text{-FeOOH}$ 和 Fe_3O_4 为主,与目前实际使用数年的铸铁管网腐蚀产物一致^[8]。以北方某水厂砂滤出水为实验用水,取 1 L 水加入 1 mg/L 氯进行消毒 2 h,然后加入 1 号模拟

管网,标记为原水管网。另外,在任意 1 L(共 3 L)水中分别加入 2 $\mu\text{g/L}$ 的磺胺嘧啶、2 $\mu\text{g/L}$ 的环丙沙星、1 $\mu\text{g/L}$ 磺胺嘧啶和 1 $\mu\text{g/L}$ 环丙沙星的复合污染物,混合 0.5 h 后各加入 1 mg/L 氯进行消毒 2 h,再分别倒入 2、3 和 4 号模拟管网,分别标记为磺胺嘧啶管网、环丙沙星管网和复合污染管网。为防止光照和空气污染导致微生物生长条件发生变化,整个实验过程中模拟管网都用锡箔纸进行覆盖和密闭处理,从而更好地模拟给水管道的密闭黑暗环境。4 个模拟管网运行 48 h 后进行换水,模拟实际管网长时间停留状态下微污染物对管网水中抗药基因以及条件致病菌再生长的影响。根据笔者以前的研究^[4],实验连续运行 8 个月以后管网生物膜及管网出水水质达到相对稳定的状态,此时对 4 种模拟管网出水进行采样分析,以揭示微污染物对管网中微生物再生长的影响机制。

1.2 原水水质

原水 pH 值为 8.0 ± 0.2 ,溶解性有机物(DOC)浓度为 (1.87 ± 0.25) mg/L,碱度(以 CaCO_3 计)为 (115 ± 5.0) mg/L, SO_4^{2-} 、 Cl^- 、 NO_3^- 浓度分别为 (48 ± 2.1) 、 (17 ± 1.8) 、 (3.6 ± 0.3) mg/L。

1.3 实验方法

微污染物检测采用高效液相色谱与质谱联用(HPLC-MS/MS)方法。采用 Waters Acquity UPLC BEH C18 色谱柱(100 mm × 2.1 mm × 1.7 mm);流动相为乙腈(A)和 0.1% 甲酸水(B),流速为 0.3 mL/min;梯度洗脱,即 0 ~ 0.25 min 为 10% 的 A,0.25 ~ 2 min 为 35% 的 A,2 ~ 4 min 为 50% 的 A,4 ~ 6.5 min 为 95% 的 A,6.5 ~ 8 min 为 10% 的 A;柱温为 40 °C;样品室温度为 10 °C;进样量为 5 μL 。质谱采用电喷雾离子源正离子模式(ESI⁺)进行检测,离子源温度为 150 °C,脱溶剂温度为 400 °C,脱溶剂气流速为 800 L/h,毛细管电压为 3.5 kV,碰撞气体为高纯氩气。

DNA 的提取和检测:分别取 1 L 各模拟管网出水经 1.2 μm 聚碳酸酯滤膜抽滤后的水样,再经 0.22 μm 聚碳酸酯滤膜过滤收集,加入 40 $\mu\text{mol/L}$ 的叠氮溴化丙啶 PMA,目的是去除颗粒物影响,收集自由悬浮的微生物的 DNA。收集的水体中自由

悬浮的微生物利用 Fast DNA spin kit for soil 试剂盒进行基因组 DNA 抽提。采用试剂盒对水样 DNA 提取后每个样品最后形成 100 μL 的 DNA 溶液,用 DNA 浓度测定仪(ND-1000, Nano Drop, USA) 测其浓度均维持在 30 $\text{ng}/\mu\text{L}$ 以上,满足定量 PCR 测试要求。另外每个模拟管网的出水 DNA 提取均重复 3 次,所有 DNA 样品均于 $-21\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存备用。完成基因组 DNA 抽提后,利用荧光定量 PCR 仪检测 16S rRNA、条件致病菌和抗药基因含量。

胞外多聚物(EPS)的提取:将 1 L 的模拟管网水样依次经 1.2、0.22 μm 膜抽滤后,用 35 mL 的无菌磷酸盐缓冲溶液 PBS 冲洗滤膜于无菌离心管中;对离心管进行超声(60 W) 2 min;放入台式高速冷冻离心机,在 $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、离心力为 2 000g 下离心 15 min;将离心管放入 $70\text{ }^{\circ}\text{C}$ 恒温搅拌器中 5 min,取出涡旋 1 min,再次离心(4 000g) 10 min;放入 $70\text{ }^{\circ}\text{C}$ 恒温搅拌器中水浴 1 h,再次离心(8 000g) 20 min。

EPS 中多糖采用硫酸-苯酚法进行测定^[9],蛋白质采用 Folin-酚试剂法(Lowry 法)进行测定^[9]。

应用傅里叶变换红外光谱仪对 EPS 进行表征。取一定量水样在低温下烘干至 10 mL,然后进行冷冻干燥。称取冷冻干燥后的粉末与烘干后的溴化钾(色谱纯)按一定比例混合研磨均匀后压片检测。将所得数据用 Origin 软件处理后参照相关文献^[10]确定各谱峰所对应的官能团。

三维荧光光谱采用 Agilent 荧光分光光度计测定,使用 150 W 氙弧灯为激发光源,扫描速度为 1 200 nm/min 。

2 结果与讨论

2.1 不同微污染物在模拟管网中的变化

通过高效液相色谱与质谱定量分析,在水中分别添加 2 $\mu\text{g}/\text{L}$ 和 1 $\mu\text{g}/\text{L}$ 磺胺嘧啶后,由于与氯进行反应,管网进水的磺胺嘧啶浓度分别降低为 10.7 ng/L 和 5.2 ng/L ,在管网中停留 48 h 后管网出水检测不到磺胺嘧啶存在;而在水中分别添加 2 $\mu\text{g}/\text{L}$ 和 1 $\mu\text{g}/\text{L}$ 环丙沙星后,由于与氯的反应,管网进出水中均检测不到环丙沙星的存在,进入管网的主要是环丙沙星的氯化产物。

另外,由于在砂滤出水中加入的磺胺嘧啶和环丙沙星的浓度非常低($\mu\text{g}/\text{L}$ 级别),而 DOC 浓度达到了 1.87 mg/L ,因此加入 1 mg/L 氯后其主要还是起消毒作用,另外就是与天然有机物进行反应,痕量

微污染物的加入对该过程影响不大,因此 4 个模拟管网的进水氯浓度基本都维持在 0.5 mg/L 左右,没有明显差别。另外与氯反应后磺胺嘧啶浓度变为 ng/L 级别,而环丙沙星消失,其进入管网后对氯的影响更小,因此 4 个模拟管网运行 48 h 后出水氯浓度基本维持在 0.05 mg/L 左右,满足水质标准要求,不存在不达标现象。4 个模拟管网进出水氯浓度变化不大,因此管网出水中微生物的变化主要由微污染物的加入导致。

2.2 微污染物对不同微生物再生长的影响

自由悬浮的总细菌 16S rRNA 在原水管网、磺胺嘧啶管网、环丙沙星管网和复合污染管网出水中的基因拷贝数如图 1 所示。在 4 个模拟管网中基因拷贝数的对数依次为 5.83、6.02、5.96 和 6.12。结果表明,微污染物的加入使得管网出水中自由悬浮的总细菌含量增加,且磺胺嘧啶比环丙沙星的影响更明显,而复合污染物的存在使得总细菌增加最多。

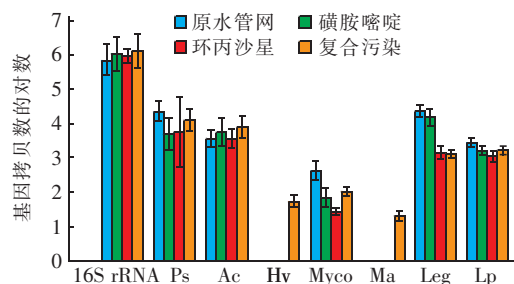


图 1 不同管网出水中总细菌及条件致病菌含量

Fig. 1 Amounts of 16S rRNA and opportunistic pathogens in effluent of different pipelines

另外,对军团菌属 *Legionella* spp. (Leg)、嗜肺军团菌 *Legionella pneumophila* (Lp)、分枝杆菌属 *Mycobacterium* spp. (Myco)、鸟分枝杆菌 *Mycobacterium avium* (Ma) 和铜绿假单胞菌 *Pseudomonas aeruginosa* (Ps) 5 种致病菌和棘阿米巴变形虫 *Acanthamoeba* spp. (Ac)、哈氏虫 *Hartmannella vermiformis* (Hv) 2 种变形虫进行了定量分析。从图 1 可以看出,由于磺胺嘧啶和环丙沙星属于抗生素,对一些致病微生物具有灭活作用,因而管网出水自由悬浮的军团菌属、嗜肺军团菌、分枝杆菌属和铜绿假单胞菌的含量在加入微污染物后均降低。但是,微污染物的加入却使得两种变形虫和鸟分枝杆菌含量明显增加,特别是在复合污染管网出水中其基因拷贝数的对数分别增加到 3.89、1.72 和 1.26。该

结果说明微污染物特别是复合污染条件下其对变形虫没有致死作用,而且有文献报道^[11-12]一些条件致病菌比如鸟分枝杆菌容易与变形虫结合在一起进行生长,一旦形成这种条件,这些致病菌就容易对抗生素类物质产生抗性。

2.3 胞外多聚物分析

2.3.1 EPS 的三维荧光表征

根据文献报道^[13-14],三维荧光光谱通常分为 5 个区,分别对应类酪氨酸(1区, $\lambda_{Ex} < 250 \text{ nm}$, $\lambda_{Em} < 330 \text{ nm}$)、类色氨酸(2区, $\lambda_{Ex} < 250 \text{ nm}$, $330 \text{ nm} < \lambda_{Em} < 380 \text{ nm}$)、类富里酸(3区, $\lambda_{Ex} < 250 \text{ nm}$, $\lambda_{Em} > 380 \text{ nm}$)、类微生物代谢产物(4区, $250 \text{ nm} < \lambda_{Ex} < 280 \text{ nm}$, $\lambda_{Em} < 380 \text{ nm}$)和类腐殖酸(5区, $\lambda_{Ex} > 280 \text{ nm}$, $\lambda_{Em} > 380 \text{ nm}$)等物质。对 EPS 的三维荧光光谱测定结果显示,在原水中添加磺胺嘧啶和环丙沙星后管网出水的 EPS 含量明显增加,且复合污染条件下微生物分泌的 EPS 含量最高。

由定量分析结果(见表 1)可知,在复合污染条件下微生物分泌的 EPS 中类酪氨酸、类色氨酸、类富里酸、类微生物代谢产物和类腐殖酸的含量分别为 3.29×10^5 、 8.81×10^5 、 7.10×10^5 、 4.34×10^5 、 $4.92 \times 10^5 \text{ AU} \cdot \text{nm}^2$ 。与其他三个管网相比,复合污染管网出水中微生物分泌的 EPS 含量最高,特别是类色氨酸和类富里酸类物质,这可能与复合污染条件下管网出水中总细菌 16S rRNA 和棘阿米巴变形虫、哈氏虫以及鸟分枝杆菌含量增加有关。

表 1 不同管网出水 EPS 的三维荧光标准化体积值

Tab.1 Normalized EEM volumes of EPS in effluent of different pipelines $10^5 \text{ AU} \cdot \text{nm}^2$

项目	类酪氨酸	类色氨酸	类富里酸	类微生物代谢产物	类腐殖酸
原水管网	2.51	4.26	4.78	3.11	4.11
磺胺嘧啶	3.28	6.03	6.51	4.01	5.16
环丙沙星	2.63	6.57	5.65	3.73	4.38
复合污染	3.29	8.81	7.10	4.34	4.92

2.3.2 EPS 的红外表征

原水管网、磺胺嘧啶管网、环丙沙星管网和复合污染管网出水的 EPS 红外光谱如图 2 所示。在波数为 1068 cm^{-1} 和 1150 cm^{-1} 处有明显的波峰,前者为 $-\text{OH}$ 基团,后者为 $\text{C}-\text{O}-\text{C}$ 基团,均为多糖官能团。在两波数处,峰值从小到依次依次为原水管网、环丙沙星管网、磺胺嘧啶管网、复合污染管网。4 种管网的峰值表明,复合污染管网中的多糖含量最

高,其次为磺胺嘧啶管网和环丙沙星管网,原水管网中的含量最低。在波数为 530 、 870 和 960 cm^{-1} 处也有明显的波峰,分别为 $\text{C}=\text{O}$ 基团、氨基、 $\text{P}-\text{O}-\text{C}$ 基团,均为蛋白质官能团。在 3 个波数处,峰值从小到依次依次为原水管网、环丙沙星管网、磺胺嘧啶管网、复合污染管网,即复合污染管网中的蛋白质含量最高,磺胺嘧啶管网和环丙沙星管网次之,而原水管网中的蛋白质含量最低。

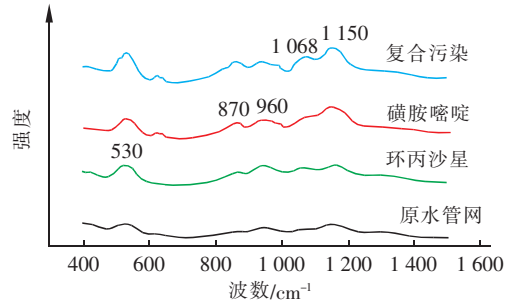


图 2 不同管网出水中 EPS 的傅里叶变换红外光谱
Fig.2 Fourier transform infrared spectroscopy of EPS in effluent of different pipelines

2.3.3 EPS 中多糖和蛋白质的含量

微生物分泌的 EPS 中主要为多糖和蛋白质,采用分光光度计对其含量进行了定量分析,结果见图 3。原水管网、磺胺嘧啶管网、环丙沙星管网以及复合污染管网出水中的多糖含量依次为 1100 、 1395 、 1120 和 $1750 \mu\text{g/L}$,即添加单一抗生素的磺胺嘧啶管网出水和环丙沙星管网出水中的多糖含量有一定幅度的增加,复合污染管网出水中的多糖含量增加最明显。不同管网出水中的多糖含量与出水总细菌 16S rRNA 和棘阿米巴变形虫变化一致,而复合污染条件下多糖含量最高,与总细菌 16S rRNA、棘阿米巴变形虫、哈氏虫和鸟分枝杆菌最多一致。

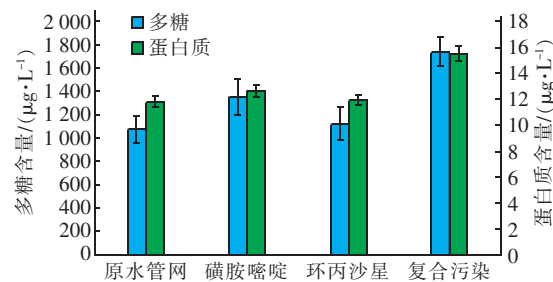


图 3 不同管网出水中的多糖和蛋白质含量
Fig.3 Contents of polysaccharide and protein in effluent of different pipelines

另外从图 3 还可以看出,加入磺胺嘧啶或环丙

沙星后其出水蛋白质含量变化不大,但是复合污染管网出水中的蛋白质含量升高为 $15.8 \mu\text{g/L}$,其值最大。这与复合污染条件下总细菌及一些变形虫和条件致病菌的增加有关。

通过以上分析可知,微生物分泌的 EPS 及其多糖和蛋白质含量与管网出水总细菌和条件致病菌含量变化密切相关。磺胺嘧啶和环丙沙星加入原水后可以诱发微生物分泌更多的 EPS,从而保护微生物免受消毒剂的影响,因而管网出水中虽然部分条件致病菌含量降低,但是总细菌和一些条件致病菌含量增加。而复合污染条件下由于分泌的 EPS 最多,其多糖和蛋白质含量也最高,因而保护作用更强,出水总细菌数量最高。

2.4 模拟管网出水中抗药基因的变化

通过定量 PCR 对不同管网出水自由悬浮的微生物中 5 种抗药基因的基因拷贝数进行了定量分析,结果如图 4 所示。实验过程中对抗环丙沙星类的抗药基因 *qnrA*、*qnrB* 和 *qnrS* 进行了检测,均处于检测限以下。外排泵基因 *mexA* 在原水管网、磺胺嘧啶管网、环丙沙星管网和复合污染管网出水中基因拷贝数的对数依次为 1.75、1.76、1.83 和 1.90。许多细菌可以通过外排泵系统将进入胞内的抗菌药物泵出胞外,从而使菌体内药物浓度降低而形成耐药性。环丙沙星的加入比磺胺嘧啶更容易增加管网出水中 *mexA* 的含量,但是两种污染物构成的复合污染条件更能够增加 *mexA* 的含量。

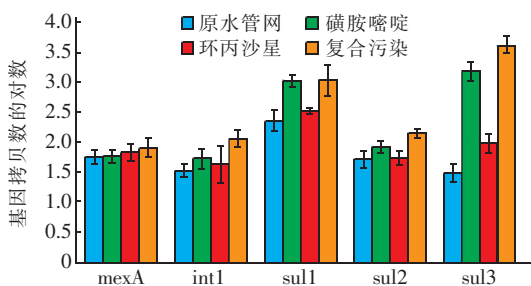


图 4 不同管网出水中抗药基因的含量

Fig. 4 Amounts of antibiotic resistance genes in effluent of different pipelines

4 种管网出水自由悬浮的微生物中整合子基因 *int1* 的拷贝数对数依次为 1.53、1.71、1.62 和 2.05。整合子是一种运动性的 DNA 分子,具有独特结构且可捕获和整合外源性基因,使之转变为功能性基因的表达单位。它通过转座子或接合性质粒,使多重耐药基因在细菌中进行水平传播。另外,其他 3 种

抗磺胺嘧啶的功能基因 *sul1*、*sul2* 和 *sul3* 表现出与 *int1* 相同的变化趋势。因此,这四种基因主要受磺胺嘧啶的影响,但是复合污染更容易增加这四种抗药基因含量。

通过回归分析可知,哈氏虫与外排泵基因 *mexA* 呈正相关 ($p = 0.993$);总细菌 16S rRNA 与抗磺胺嘧啶基因 *sul3* ($p = 0.957$) 呈正相关;棘阿米巴变形虫与整合子基因 *int1* ($p = 0.951$)、抗磺胺嘧啶基因 *sul2* ($p = 0.996$) 和 *sul3* ($p = 0.963$) 呈正相关。因此,微污染物环丙沙星和磺胺嘧啶的加入虽然由于其具有一定的杀菌性,使得部分致病菌数量降低,但是其也能够增加抗药基因的含量,从而使总细菌及一些致病菌数量增加。这是一个需要进一步研究并加以控制的问题。

3 结论

① 磺胺嘧啶和环丙沙星的加入明显降低了管网出水中自由悬浮的军团菌属、分枝杆菌属、嗜肺军团菌和铜绿假单胞菌的含量。但是,自由悬浮的总细菌、鸟分枝杆菌、棘阿米巴变形虫和哈氏虫的含量增加,尤其是复合污染条件下这些微生物增加明显。

② 微生物分泌的胞外多聚物中多糖和蛋白质能够保护微生物免受磺胺嘧啶和环丙沙星的影响,是导致微生物含量增加的主要因素。

③ 磺胺嘧啶和环丙沙星的加入明显增加了管网出水自由悬浮的微生物的抗药基因含量,特别是复合污染条件下抗药基因增加最多,这是导致总细菌和部分致病菌增加的又一因素。

因此,微量污染物的存在导致了致病菌再生长繁殖,以及水体中抗药基因的增加,明显影响了管网水质。以后需要进一步研究对水源水中微量污染物的控制措施,以便于更好地确保管网水质。

参考文献:

- [1] Johnson A C, Keller V, Dumont E, *et al.* Assessing the concentration and risks of toxicity from the antibiotics ciprofloxacin, sulfamonomethoxazole, trimethoprim and erythromycin in European rivers [J]. *Sci Total Environ*, 2015, 511: 747 - 755.
- [2] Ye Z, Weinberg H S. Trace analysis of trimethoprim and sulfonamide, macrolide, quinolone, and tetracycline antibiotics in chlorinated drinking water using liquid chromatography electrospray tandem mass spectrometry [J]. *Anal Chem* 2007, 79(3): 1135 - 1144.

- [3] Jia S, Shi P, Hu Q, *et al.* Bacterial community shift drives antibiotic resistance promotion during drinking water chlorination [J]. *Environ Sci Technol*, 2015, 49 (20): 12271 – 12279.
- [4] Wang H B, Hu C, Liu L Z, *et al.* Interaction of ciprofloxacin chlorination products with bacteria in drinking water distribution systems [J]. *J Hazard Mater*, 2017, 339: 174 – 181.
- [5] Pak G, Salcedo D E, Lee H, *et al.* Comparison of antibiotic resistance removal efficiencies using ozone disinfection under different pH and suspended solids and humic substance concentrations [J]. *Environ Sci Technol*, 2016, 50: 7590 – 7600.
- [6] Zhang W, Cao B, Wang D, *et al.* Influence of wastewater sludge treatment using combined peroxyacetic acid oxidation and inorganic coagulants re-flocculation on characteristics of extracellular polymeric substances (EPS) [J]. *Water Res*, 2016, 88: 728 – 739.
- [7] 徐红亮, 武小鹰, 郑平. 胞外多聚物及其对废水生物处理的影响 [J]. *环境科学与技术*, 2005, 28(6): 121 – 124.
Xu Hongliang, Wu Xiaoying, Zheng Ping. Effect of extracellular polymer substance on wastewater treatment [J]. *Environmental Science and Technology*, 2005, 28(6): 121 – 124 (in Chinese).
- [8] 杨帆, 石宝友, 王东升, 等. 水质化学组分变化对管道铁释放及管垢特征的影响 [J]. *中国给水排水*, 2012, 28(23): 1 – 6.
Yang Fan, Shi Baoyou, Wang Dongsheng, *et al.* Effect of water chemistry changes on pipe iron release and corrosion scaling properties of old cast iron pipes [J]. *China Water & Wastewater*, 2012, 28(23): 1 – 6 (in Chinese).
- [9] 李姝. Cu^{2+} 对生物膜及其胞外多聚物的作用规律研究 [D]. 昆明: 昆明理工大学, 2014.
Li Shu. Effect of Cu^{2+} on Biofilm and Its Extracellular Polymer Substance [D]. Kunming: Kunming University of Science and Technology, 2014 (in Chinese).
- [10] Hessler C M, Wu M Y, Xue Z, *et al.* The influence of capsular extracellular polymeric substances on the interaction between TiO_2 nanoparticles and planktonic bacteria [J]. *Water Res*, 2012, 46: 4687 – 4696.
- [11] Sun P, Tyree C, Huang C H. Inactivation of *Escherichia coli* bacteriophage MS2, and *Bacillus* spores under UV/ H_2O_2 and UV/peroxydisulfate advanced disinfection conditions [J]. *Environ Sci Technol*, 2016, 50: 4448 – 4458.
- [12] 赵丽萍. 金黄色葡萄球菌 Al-2 群体感应系统的调控 [D]. 合肥: 中国科学技术大学, 2010.
Zhao Liping. Regulation of *Staphylococcus Aureus* Al-2 Quorum Sensing System [D]. Hefei: University of Science and Technology of China, 2010 (in Chinese).
- [13] Chen W, Westerhoff P, Leenheer J A, *et al.* Fluorescence excitation – emission matrix regional integration to quantify spectra for dissolved organic matter [J]. *Environ Sci Technol*, 2003, 37: 5701 – 5710.
- [14] Sun J, Guo L, Li Q, *et al.* Structural and functional properties of organic matters in extracellular polymeric substances (EPS) and dissolved organic matters (DOM) after heat pretreatment with waste sludge [J]. *Bioresour Technol*, 2016, 219: 614 – 623.



作者简介: 沈怡(1992 -)女, 江苏盐城人, 硕士研究生, 主要从事给水处理与饮用水安全保障技术研究。

E-mail: 1060326404@qq.com

收稿日期: 2019 - 12 - 05