

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2021.21.015

# 高通量测序研究清水池底泥微生物群落多样性

袁雅姝<sup>1</sup>, 杨佳蓉<sup>1</sup>, 张黎<sup>1</sup>, 张立成<sup>1</sup>, 张丽伟<sup>1</sup>, 王东<sup>2</sup>, 王薇<sup>3</sup>  
(1. 沈阳建筑大学 市政与环境工程学院, 辽宁 沈阳 110168; 2. 海城市自来水有限公司,  
辽宁 海城 114200; 3. 沈阳水务集团有限公司, 辽宁 沈阳 110168)

**摘要:** 采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术研究了北方某水厂清水池底泥的微生物菌群结构, 基于门、属水平剖析细菌、古细菌、真菌的种类和相对丰度, 同时探讨了其产生的原因及对用户水质安全的影响, 并提出了解决措施和建议。清水池底泥共检测到 30 门、55 纲、79 目、152 科、410 属细菌, 9 门 18 属古细菌, 以及 4 门 16 属真菌; 清水池底泥中的微生物菌群丰度较高, 均属于水体和土壤中常见的微生物, 有微量可能致病的菌属存在, 供水水质存在安全隐患。分析原因, 可能是消毒不完全以及管道存在腐蚀等所致。因此建议, 适当增加消毒剂投量、保证管网中的消毒剂余量, 加强对供水管网的维护、管理和水质检测。

**关键词:** 清水池底泥; 微生物菌群; 高通量测序

**中图分类号:** TU991 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2021)21-0094-06

## Study on Microbial Community Diversity in Sediment of Clean Water Tank by High-throughput Sequencing

YUAN Ya-shu<sup>1</sup>, YANG Jia-rong<sup>1</sup>, ZHANG Li<sup>1</sup>, ZHANG Li-cheng<sup>1</sup>, ZHANG Li-wei<sup>1</sup>,  
WANG Dong<sup>2</sup>, WANG Wei<sup>3</sup>

(1. School of Municipal and Environmental Engineering, Shenyang Jianzhu University, Shenyang 110168, China; 2. Haicheng Water Co. Ltd., Haicheng 114200, China; 3. Shenyang Water Group Co. Ltd., Shenyang 110168, China)

**Abstract:** The microbial community in the sediment of clean water tank from a waterworks in northern China was analyzed by Illumina MiSeq high-throughput sequencing. The species and relative abundances of bacteria, archaea and fungi were analyzed at phylum and genus levels. The causes of their growth and their influence on the safety of the user water quality were explored, and the solutions and suggestions were proposed. The bacterial community of the sediment included 30 phyla, 55 classes, 79 orders, 152 families and 410 genera, the archaeal community had 9 phyla and 18 genera, and the fungal community consisted of 4 phyla and 16 genera. The abundance of the microbes in the sediment of the clean water tank was high, and they all belonged to the common microorganisms in water and soil. There were trace bacteria that might cause disease and endangered the security of the water quality. The reasons might be incomplete disinfection and pipeline corrosion. Therefore, it was suggested to appropriately increase the dosage of disinfectant, ensure the residual disinfectant in the pipe network, and strengthen

the maintenance, management and water quality detection of the water supply pipe network.

**Key words:** sediment in clean water tank; microbial community; high-throughput sequencing

北方某水厂水源来自地下水,水质良好,投加少量消毒剂后出厂水水质即可达标。但有段时间管网水和用户水中曾出现肉眼可见絮状物。《生活饮用水卫生标准》(GB 5749—2006)中明确规定,出厂水不得含有肉眼可见物,水中的细菌总数不得超出100 CFU/mL。对清水池底泥及用户水中的悬浮物进行镜检,发现存在多种微生物、原生动物等,这对饮用水水质安全造成了极大威胁。为了进一步检测清水池沉积物中具体包含的微生物种类,笔者基于Illumina MiSeq高通量测序技术,研究该水厂清水池底泥中的微生物群落多样性,分析细菌、古细菌、真菌的群落结构及相对丰度,以期为后续分析其存在原因及处理技术提供支持。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

清水池底泥取自北方某水厂,该水厂以地下水为水源,地下水水质一直优良。水厂清洗清水池时,取池底沉积物样品,保存于0℃冰盒中并快速转移至-20℃超低温冰箱至送检。

### 1.2 高通量测序及数据分析

#### 1.2.1 DNA扩增

分别对样品中的细菌、古细菌、真菌进行高通量测序分析。对目标基因组的16S rDNA V3-V4区进行扩增,以样本中提取的DNA原液作为PCR模板,引物采用341F(CCTACGGGNGGCWGCAG)和805R(GACTACHVGGGTATCTAATCC)。根据PCR扩增图谱,扩增后出现明显清晰条带,位置一致,达到了扩增浓度要求。委托上海生工生物公司进行Illumina MiSeq高通量测序。

#### 1.2.2 数据处理

MiSeq测序序列中含有barcode序列、测序时加入的引物和接头序列。首先预处理去除引物接头序列,再将成对的reads拼接为一条序列,然后按照barcode标签序列识别并区分样品得到各样本数据,最后对各样本数据的质量进行质控过滤,得到优质序列。将所有样本序列按照序列间的距离进行聚类,然后根据序列之间的相似性将序列分成不同的操作分类单元(OTU)。通常在97%的相似水平下对OTU值进行统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 细菌分析

去除嵌合体及非特异性扩增序列处理之前序列总数为69 468,处理后剩余序列数为65 131。选择97%相似水平下的OTU值进行生物信息统计分析,对应OTU数目为10 403。使用mothur软件,计算Chao1指数和Ace指数等种群丰度指数以及Shannon指数和Simpson指数等群落多样性指数。结果表明,Chao1指数和Ace指数分别为53 943.4、106 460.75,Shannon指数和Simpson指数分别为7.116 3、0.003 5。

#### 2.1.1 门水平的优势菌群分布特征

在门水平上,样品中的细菌群落结构如图1所示,达到30个门以上,主要包括(取TOP10)变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、*Parcubacteria*、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)。其中,变形菌门占比最大,达到了41.64%,其次是酸杆菌门、浮霉菌门、拟杆菌门、厚壁菌门,占比分别达到了8.32%、6.69%、6.35%、5.38%。

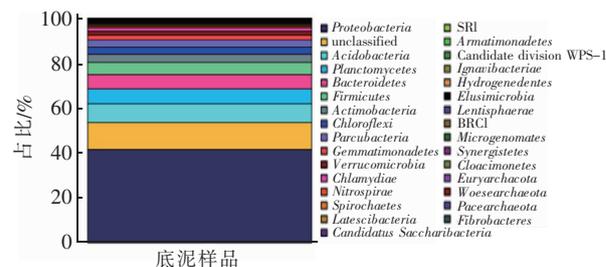


图1 所有样品中细菌在门水平上的群落结构分布

Fig.1 Community structure distribution of bacteria at phylum level in all samples

变形菌门是饮用水源中最主要和常见的门类<sup>[1]</sup>。Chao等人研究水库原水微生物群落结构时发现,变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、疣微菌门、浮霉菌门和绿弯菌门为优势门类<sup>[2]</sup>;研究饮用水输水管道内形成的生物膜微生物群落结构时发现,变形菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门为优势门类<sup>[3]</sup>。

综上可知,样品可能处于酸性状态,其中的菌门为水处理中常见的菌门。变形菌门、酸杆菌门、浮霉菌门和拟杆菌门所占比例较大,符合常规情况。

### 2.1.2 纲水平的优势菌群分布特征

在纲水平上,样品中的细菌群落结构如图 2 所示,达到 55 个纲以上,主要包括(取 TOP10)α - 变形菌纲 (Alphaproteobacteria)、δ - 变形菌纲 (Deltaproteobacteria)、γ - 变形菌纲 (Gammaproteobacteria)、β - 变形菌纲 (Betaproteobacteria)、浮霉菌纲 (Planctomycetia)、梭状芽孢菌纲 (Clostridia)、放线菌纲 (Actinobacteria)、拟杆菌纲 (Bacteroidia)、厌氧绳菌纲 (Anaerolineae)、芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes)。其中,α - 变形菌纲所占比例最大,为 13.72%,其次是 δ - 变形菌纲、γ - 变形菌纲、β - 变形菌纲,占比分别为 10.59%、8.83%、7.75%。Xia 等人研究发现,活性污泥样品中 α - 变形菌纲是最主要的变形菌纲<sup>[4]</sup>;Zhang 等人研究发现,β - 变形菌纲在污水处理系统中有重要作用<sup>[5]</sup>。

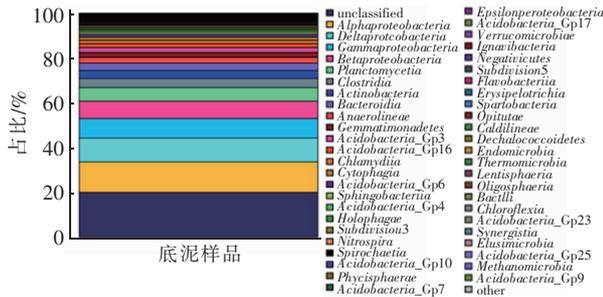


图 2 所有样品中细菌在纲水平上的群落结构分布

Fig.2 Community structure distribution of bacteria at class level in all samples

### 2.1.3 属水平的优势菌群分布特征

在属水平上,样品中的细菌群落结构见图 3。

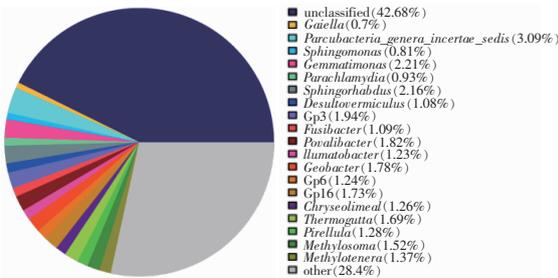


图 3 所有样品中细菌在属水平上的群落结构分布

Fig.3 Community structure distribution of bacteria at genus level in all samples

在属水平上,样品中的细菌主要包括(取 TOP10) *Parcubacteria \_ genera \_ incertae \_ sedis* (3.09%)、*Gemmatimonas* (2.21%)、*Sphingorhabdus* (2.16%)、Gp3 (1.94%)、*Povalibacter* (1.82%)、地杆菌属(*Geobacter*,1.78%)、Gp16(1.73%)、*Thermogutta* (1.69%)、I 型甲烷氧化菌 (*Methylosoma*,1.52%)、嗜甲基菌属 (*Methylotenera*,1.37%)。

此外,样品中还存在微量的硫酸盐还原菌:脱硫单胞菌属 (*Desulfuromonas*,0.66%)、*Desulfovibrio* (0.04%)。硫酸盐还原菌常见于锈垢和某些沉积物内部。硫酸盐还原菌可以利用一些有机物作为碳源,同时利用生物膜内产生的 H<sub>2</sub>,将硫酸盐还原成 H<sub>2</sub>S,从氧化还原反应过程中获得能量。此外管道内大量繁殖的好氧菌群,会在管道内形成粘泥及污垢,也为硫酸盐还原菌的生长繁殖创造了很好的条件。硫酸盐还原菌常引起局部腐蚀(点蚀),形成黑色硫化物,会堵塞管道<sup>[6]</sup>。

### 2.1.4 可能存在的致病菌

由于技术手段有限,高通量检测未能确认到种,存在许多可疑菌属含有致病菌种,仍需高度关注。参考饮用水中常见的微生物致病菌,对应分析结果整理如表 1 所示。

表 1 可能存在的致病菌

Tab.1 Possible pathogens

菌属	含量/%	可能存在的致病菌	危害	参考文献
军团菌属 ( <i>Legionella</i> )	0.16	嗜肺军团菌	军团病	[7-8]
丹毒杆菌属 ( <i>Erysipelothrix</i> )	0.10	红斑丹毒丝菌	红斑丹毒丝菌病	[9-10]
梭状芽孢杆菌属 ( <i>Clostridium</i> )	0.05	破伤风芽孢梭菌	破伤风	[11-12]
		产气荚膜梭菌	气性坏疽、食物中毒、坏死性结肠炎	
		肉毒梭菌	肉毒毒素	
<i>Mycobacterium</i>	0.04	结核分枝杆菌	结核病	[13]
		麻风分枝杆菌	麻风病	
假单胞菌属 ( <i>Pseudomonas</i> )	0.02	铜绿假单胞菌	菌血症、败血症	[14]
不动杆菌属 ( <i>Acinetobacter</i> )	0.01	鲍曼不动杆菌	呼吸道感染	[15]
螺杆菌属 ( <i>Helicobacter</i> )	0.01	幽门螺杆菌	慢性胃炎、胃溃疡	[16]

## 2.2 古细菌分析

去除嵌合体及非特异性扩增序列处理之前序列总数为 59 283,处理后剩余序列数为 58 109。选择 97% 相似水平下的 OTU 值进行生物信息统计分析,对应 OTU 数目为 2 175。计算结果表明,Chao1 指数和 Ace 指数分别为 35 356.91、89 722.97, Shannon 指数和 Simpson 指数分别为 3.29、0.10。

### 2.2.1 门水平的优势菌群分布特征

在门水平上,样品中的古细菌群落结构有 9 个门,主要包括(占比在 0.1% 以上的)广古菌门(*Euryarchaeota*)、奇古菌门(*Thaumarchaeota*)、乌斯古菌门(*Woesearchaeota*)、佩斯古菌门(*Paecearchaeota*)、泉古菌门(*Crenarchaeota*),其中,广古菌门占比最大,为 44.02%,其次是奇古菌门、乌斯古菌门、佩斯古菌门,占比分别为 30.95%、17.43%、6.37%。*Proteobacteria*、*Latescibacteria*、*Planctomycetes*、*Acidobacteria* 的占比均在 0.1% 以下。以上菌门均为水处理过程中常见的菌门,符合常规情况。

### 2.2.2 属水平的优势菌群分布特征

在属水平上,样品中的古细菌群落结构有 18 个属,如图 4 所示,主要包括(取 TOP10)氨氧化古菌属(*Nitrosopumilus*)、甲烷螺菌属(*Methanospirillum*)、*Methanoregula*、甲烷丝菌属(*Methanotherix*)、*Woesearchaeota Incertae Sedis AR20*、*Paecearchaeota Incertae Sedis AR13*、*Methanomassiliicoccus*、*Woesearchaeota Incertae Sedis AR16*、*Woesearchaeota Incertae Sedis AR15*、*Methanolinea*、*Nitrososphaera*、*Methanosarcina*、*Methanobacterium*、*Methanobolus*、*Woesearchaeota Incertae Sedis AR18*、*Methanosulsum*、*Latescibacteria\_genera\_incertae\_Sedis*、*Cp16*。

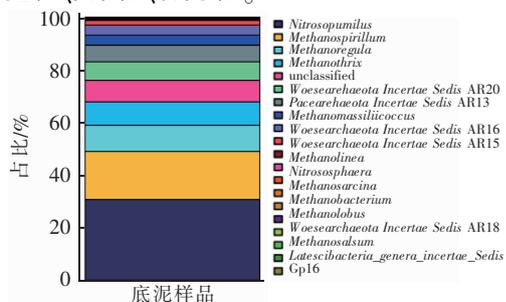


图 4 所有样品中古细菌在属水平上的群落结构分布

Fig. 4 Community structure distribution of archaea at genus level in all samples

## 2.3 真菌分析

嵌合体及非特异性扩增序列处理之前序列总数为 52 260,处理后剩余序列为 52 120。选择 97% 相似水平下的 OTU 值进行生物信息统计分析,对应 OTU 数目为 745。计算结果表明,Chao1 指数和 Ace 指数分别为 2 987.02、4 605.86, Shannon 指数和 Simpson 指数分别为 2.65、0.15。

### 2.3.1 门水平的优势菌群分布特征

在门水平上,样品中真菌群落结构的多样性较低,仅检测出 4 个门,分别为子囊菌门(*Ascomycota*, 0.47%)、刺胞动物门(*Cnidaria*, 0.31%)、担子菌门(*Basidiomycota*, 0.04%)、*Mucoromycota* (<0.01%)。说明样品中含有的真菌极少。

### 2.3.2 属水平的优势菌群分布特征

在属水平上,样品中真菌群落结构的多样性同样较低,共检测出 16 个属,主要为(取 TOP10)桃花水母属(*Craspedacusta*, 0.32%)、*Boldia* (0.09%)、叶生衣属(*Strigula*, 0.06%)、*Haptocillium* (0.05%)、链格孢属(*Alternaria*, 0.03%)、枝孢菌属(*Cladosporium*, 0.03%)、*Cystofilobasidium* (0.02%)、曲霉菌属(*Aspergillus*, 0.02%)、*Tricladium* (0.01%)、*Udeniomyces* (0.01%)。

### 2.3.3 可能存在的致病菌

对样本中的真菌进行分析,可能存在含有病原体的真菌属,如表 2 所示。

表 2 可能存在的致病菌

Tab. 2 Possible pathogens

菌属	含量/%	危害	参考文献
链格孢属 ( <i>Alternaria</i> )	0.03	可引起眼角膜溃疡、手足等皮肤病及深部真菌病	[17-18]
枝孢菌属 ( <i>Cladosporium</i> )	0.03	很少会对人类造成致病性,然而已经有过可能对人体皮肤造成感染的报告	[19]
曲霉菌属 ( <i>Aspergillus</i> )	0.02	免疫功能降低时,呼吸系统曲霉病,对人畜健康造成危害	[20]

## 2.4 生成原因及对水质的影响

水源水进入水厂管网,既带入了营养物质,也带入了生物链生物。样品中的优势菌种与常见水源水中的有部分重合,说明消毒可能不彻底;管材在长期使用过程中,会出现管壁腐蚀、沉积,水源水中的微生物进入到管网会加剧繁殖,会发生各种复杂的物理、化学和生物反应;另外,管道内还会出现局部缺

氧或厌氧环境,从而出现兼氧菌和厌氧菌。《生活饮用水卫生标准》规定,出厂水不得含有肉眼可见物,水中细菌总数不得超过 100 CFU/mL。从样品中存在细菌、原生动物这样的生物链来看,细菌总数应该高出了几个数量级。因此,供水水质在微生物方面存在严重问题。

## 2.5 解决措施及建议

### 2.5.1 管道防止腐蚀的方法以及管道冲洗

对没有采取任何防腐措施的已铺设管线,管道的腐蚀严重影响供水安全以及水质安全,管道的防腐工作变得十分重要。对于金属的防腐蚀方法,表面覆盖保护层即管道涂衬。管道涂衬的基本要求是其结构致密、完整、没有小孔;与管道有良好的结合能力,不易脱落;在整个管道内部均匀分布;涂抹方便,经济可行;涂衬材料符合食品级标准,不释放有毒有害物质,与水不产生反应。

如果现有管线的腐蚀严重,若全部更换新管则会大量浪费人力物力,而对已产生腐蚀的管线应进行冲洗并修复,可起到保障管网供水水质的重要作用<sup>[21]</sup>。管道冲洗:利用外加的力使管壁上的腐蚀产物以及污染物脱落,从而达到清洗管道的目的。管道修复:从经济有效地改善水质条件出发,完全采用换新管的方式不仅造价高,而且施工周期长,断水时间长,给市民的生产生活带来诸多不便,因此,对于可以继续服役的旧管道,采取管道修复的技术,既经济又可解决管道腐蚀和水质恶化问题。

### 2.5.2 管网中微生物的控制措施

保证用户水质安全、杜绝污染事件的发生,重要的是控制输配水系统腐蚀。每种水都具有腐蚀性,腐蚀强弱与水的理化特征和所接触材料的表面性质有关<sup>[6]</sup>。

抑制微生物在输配水系统内生长,防止微生物由于处理不彻底或发生二次污染从外界进入管道。二氧化氯等消毒剂的氧化性强,杀灭细菌孢子和病毒等微生物的能力比较强,能达到持续杀菌的目的。增加消毒剂浓度可以有效控制悬浮物和管壁细菌的生长;抑制微生物再生长的其他措施,降低微生物生长所必需的营养物质(如铁)含量,使微生物因营养缺乏而不能生长繁殖。

保证管网中消毒剂余量的方法有两个方面,一是保证出厂水消毒剂余量,二是必要时在管网中局部投加消毒剂,或加强二次供水消毒。

### 2.5.3 加强管网的维护、管理和水质检测

就供水现状来说,管道定期清洗维护是最有效、最实用的措施;其次,在新建或更换管道时,需注重选择腐蚀性小、使用寿命长的管材,例如球墨铸铁管;另外,对管道定期进行清洗也是控制管网铁细菌的有效措施,管道清洗采用物理清洗;冲洗过程中可适当增加消毒剂用量,以杀死冲洗后重新悬浮的微生物。

## 3 结论

① 经高通量分析,清水池底泥中存在大量细菌,优势菌门为变形菌门、酸杆菌门、浮霉菌门、拟杆菌门等,符合常见水质和土壤微生物菌群结构。

② 样品中存在硫酸盐还原菌,说明该水厂管材在长期使用过程中,可能会出现管壁腐蚀、沉积,加剧了微生物的生长繁殖。

③ 样品中还存在着数量不多的古细菌和真菌,以及一些水生微型动物,说明在清水池中已经形成了较为完整的微生物食物链,供水水质存在安全隐患。

④ 本研究发现了一些可能的致病菌属,但因条件有限没有鉴定到种,还不能确定其是否为致病菌和具体的危害程度,有待进一步研究。

## 参考文献:

- [1] PINTO A J, XI C W, RASKIN L. Bacterial community structure in the drinking water microbiome is governed by filtration processes [J]. *Environmental Science & Technology*, 2012, 46: 8851 - 8859.
- [2] CHAO Y Q, MA L P, YANG Y, *et al.* Metagenomic analysis reveals significant changes of microbial compositions and protective functions during drinking water treatment [J]. *Scientific Reports*, 2013, 3: 3550.
- [3] CHAO Y Q, MAO Y P, WANG Z P, *et al.* Diversity and functions of bacterial community in drinking water biofilms revealed by high-throughput sequencing [J]. *Scientific Reports*, 2015, 5: 10044.
- [4] XIA S, DUAN L, SONG Y, *et al.* Bacterial community structure in geographically distributed biological wastewater treatment reactors [J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, 44: 7391 - 7396.
- [5] ZHANG T, SHAO M F, YE L. 454 Pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants [J]. *The ISME Journal*, 2012, 6: 1137 - 1147.

- [6] 罗昊进,谭立国. 城市供水管网选材与水质污染分析[J]. 净水技术,2005,24(6):68-70.  
LUO Haojin,TAN Liguu. Analysis on the water quality pollution and selection of pipeline materials in urban water supply[J]. Water Purification Technology,2005,24(6):68-70(in Chinese).
- [7] 郭沛,赵龙,胡翻. 公共场所水环境中嗜肺军团菌的快速检测方法[J]. 生物技术通报,2019,35(3):203-209.  
GUO Pei,ZHAO Long,HU He. A rapid method of detecting viable *Legionella pneumophila* in the water environment of public places [J]. Biotechnology Bulletin,2019,35(3):203-209(in Chinese).
- [8] HE L, LIN Y, GE Z H, et al. The *Legionella pneumophila* effector WipA disrupts host F-actin polymerisation by hijacking phosphotyrosine signalling [J]. Cellular Microbiology,2019,21(6):e13014.
- [9] ZHU W F, WU C, KANG C, et al. Evaluation of the protective efficacy of four newly identified surface proteins of *Erysipelothrix rhusiopathiae* [J]. Vaccine,2018,36(52):8079-8083.
- [10] 罗雪刚,罗永芳,戴怡雪,等. 红斑丹毒丝菌的分离鉴定及疫苗的免疫保护作用[J]. 中国兽医学报,2016,36(11):1882-1886.  
LUO Xuegang, LUO Yongfang, DAI Yixue, et al. Characterization of *Erysipelothrix rhusiopathiae* isolates and the immunoprotection of swine erysipelas vaccine [J]. Chinese Journal of Veterinary Science,2016,36(11):1882-1886(in Chinese).
- [11] BARON S. Medical Microbiology [M]. 4th ed. Galveston: University of Texas Medical Branch at Galveston,1996.
- [12] MEITES E, ZANE S, GOULD C. Fatal *Clostridium sordellii* infections after medical abortions [J]. New England Journal of Medicine,2010,363(14):1382-1383.
- [13] RYAN K J, RAY C G. Sherris Medical Microbiology [M]. 4th ed. New York:McGraw Hill,2004.
- [14] BALCHT A, SMITH R. *Pseudomonas aeruginosa*: infections and treatment[J]. Informa Healthcare,1994,2:83-84.
- [15] DENT L L, MARSHALL D R, PRATAP S, et al. Multidrug resistant *Acinetobacter baumannii*: a descriptive study in a city hospital[J]. BMC Infectious Diseases,2010,10:196.
- [16] YAMAOKA Y. *Helicobacter pylori*: Molecular Genetics and Cellular Biology [M]. Wymondham: Caister Academic Press,2008.
- [17] KIRK P M, CANNON P F, MINTER D W, et al. Dictionary of the Fungi [M]. 10th ed. Wallingford: CABI,2008.
- [18] NOWICKI M, NOWAKOWSKA M, NIEZGODA A, et al. Alternaria black spot of crucifers: symptoms, importance of disease, and perspectives of resistance breeding[J]. Journal of Fruit and Ornamental Plant Research,2012,76(1):5-19.
- [19] DESHMUKH S K, RAI M K. Biodiversity of Fungi: Their Role in Human Life [M]. New Delhi: Oxford & IBH Publishing,2005.
- [20] CARSIN A, ROMAIN T, RAMQUE S, et al. *Aspergillus fumigatus* in cystic fibrosis: an update on immune interactions and molecular diagnostics in allergic bronchopulmonary aspergillosis [J]. Allergy,2017,72(11):1632-1642.
- [21] 张晓健,牛璋彬. 给水管网中铁稳定性问题及其研究进展[J]. 中国给水排水,2006,22(2):13-16.  
ZHANG Xiaojian, NIU Zhangbin. Progress in the study of the iron stability problem in drinking water distribution system [J]. China Water & Wastewater,2006,22(2):13-16(in Chinese).

作者简介:袁雅姝(1964- )女,辽宁抚顺人,硕士,教授级高级实验师,主要研究方向为生活饮用水水质安全保障理论与技术、生物技术在水处理工程中的应用等。

E-mail:yuanyashu2007@163.com

收稿日期:2019-05-31

修回日期:2019-08-25

(编辑:刘贵春)