

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2025.13.015

再生水厂指示微生物与病原菌及病毒的相关性

许 骥^{1,2}, 寸淑娟³, 李魁晓^{1,2}, 王 慰^{1,2}, 王 刚^{1,2}, 刘如钢³

(1. 北京城市排水集团有限责任公司, 北京 100022; 2. 北京市污水资源化工程技术研究中心, 北京 100124; 3. 中国科学院大学 资源与环境学院, 北京 100049)

摘要: 以某再生水厂为研究对象,对3种指示微生物、1种致病菌和6种人类相关病毒在各处理单元中的分布、去除规律和相关性进行了研究。结果表明,再生水厂进水中总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌3种指示微生物的浓度为 $10^6\sim 10^8$ MPN/L,经二级处理和深度处理后,去除率可达到5-lg~6-lg,出水粪大肠菌群均值为50 MPN/L。进水中嗜肺军团菌的平均浓度为81 MPN/mL,在超滤膜之后的处理单元中均未检出。值得注意的是,进水中人腺病毒、诺如病毒和人类疱疹病毒均有检出,其中人腺病毒检出率最高,达到95%,在进水中的平均浓度为 2.7×10^6 copies/L,出水浓度降至 5.3×10^4 copies/L,去除率为2.70-lg。相关性分析表明,3种指示微生物之间、指示微生物与嗜肺军团菌之间、指示微生物与病毒之间均呈显著正相关($P<0.01$),指示微生物在一定程度上能够预测致病菌和病毒在再生水厂中的去除规律和浓度变化,通过控制指示微生物浓度水平可以有效保障再生水的生物安全性。

关键词: 再生水; 指示微生物; 致病菌; 病毒

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2025)13-0106-08

Correlation of Indicator Microorganisms with Pathogenic Bacteria and Viruses in a Water Reclamation Plant

XU Qi^{1,2}, CUN Shu-juan³, LI Kui-xiao^{1,2}, WANG Wei^{1,2}, WANG Gang^{1,2},
LIU Ru-yin³

(1. Beijing Drainage Group Co. Ltd., Beijing 100022, China; 2. Beijing Engineering Research Center of Wastewater Resource, Beijing 100124, China; 3. College of Resources and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: This study investigated the distribution, removal mechanism, and correlation of three indicator microorganisms, one pathogenic bacterium, and six human-related viruses in each treatment unit of a water reclamation plant. The concentrations of three indicator microorganisms (total coliform bacteria, fecal coliform bacteria, and *Escherichia coli*) in the influent of the water reclamation plant were in the range of $10^6\sim 10^8$ MPN/L. Following secondary treatment and advanced treatment processes, the removal efficiency reached approximately 5-lg~6-lg, with the average count of fecal coliform in the effluent being 50 MPN/L. The average concentration of *Legionella pneumophila* in the influent was 81 MPN/mL, and it was undetectable in the treatment units following the ultrafiltration process. It was important to highlight that human adenovirus, norovirus, and human herpesvirus were all detected in the influent. Notably, the

通信作者: 李魁晓 E-mail: 13810987646@163.com

detection rate of human adenovirus was the highest, reaching up to 95%. Its average concentration in the influent was 2.7×10^6 copies/L, while the concentration in the effluent decreased to 5.3×10^4 copies/L, achieving a removal efficiency of 2.70-lg. Correlation analysis revealed significant positive correlations among the three indicator microorganisms, as well as between these microorganisms and *Legionella pneumophila*, and between them and viruses ($P < 0.01$). To some extent, the indicator microorganisms could predict the removal mechanisms and concentration variations of pathogenic bacteria and viruses in the water reclamation plant. Effective control of the concentration levels of indicator microorganisms could ensure the biological safety of reclaimed water.

Key words: water reclamation plant; indicator microorganism; pathogenic bacterium; virus

污水再生利用已成为国内外许多地区缓解水危机的重要途径。然而,城镇污水中含有大量的病原微生物,可通过直接接触、飞沫或气溶胶等途径传播给人畜而产生健康风险^[1-2]。特别是2020年初新型冠状病毒引发的疫情在全球范围内暴发以来,多个国家相继在城镇污水处理厂进水中检测出新冠病毒^[3-4],这对城镇污水处理厂和再生水厂的消毒系统运行提出了更高的挑战。

关于指示微生物与病原菌和病毒之间的相关性已经开展了大量研究,部分研究表明,指示微生物难以准确表征污水中真实的致病菌和病毒浓度水平^[5-7],Montazeri等人^[8]研究结果显示,大肠杆菌噬菌体比指示微生物更能有效表征诸如病毒G II型在污水处理厂的去除规律。然而,也有关于指示微生物与致病菌呈现强相关性的报道,如Korajkic等人^[9]在对粪源污染的研究中发现,水中指示细菌与致病菌具有显著的相关性($P < 0.01$)。随着国内污水处理厂的技术升级与改造,不同处理单元对病原菌和病毒的去除规律尚缺乏相关研究。为此,选取典型病原菌(嗜肺军团菌)和病毒(人腺病毒、诺如病毒G I型、诺如病毒G II型、甲型肝炎病毒、人疱疹病毒8型和人疱疹病毒6型)为研究对象,对其在再生水厂各处理单元的浓度分布与去除规律开展研究,并与总大肠菌群(TC)、粪大肠菌群(FC)和大肠埃希氏菌(EC)3种指示微生物进行相关性分析,以期为新时期再生水处理的生物安全性和再生水回用中的健康风险评估提供参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

水样采自北京市某再生水厂,污水处理工艺为改良AAO活性污泥法,再生水处理工艺为反硝化生

物滤池、超滤、臭氧接触池、紫外线和次氯酸钠消毒,出水水质执行《城镇污水处理厂水污染物排放标准》(DB 11/890—2012)。采样时间为7月—8月,每个取样点的采样频率为每周2次,连续取样4周,每个处理单元出水累计采集8个样品。采样器置于高温灭菌锅内,120 °C灭菌30 min;用于检测细菌的样品储存于无菌采样袋中,每份样品250 mL;用于检测病毒的样品置于灭菌的取样桶中,每份样品10 L,样品均置于4 °C保温箱内遮光保存,并于2 h内运回实验室进行预处理与检测。

1.2 检测项目与方法

指示微生物的检测:总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌参照《水质 总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌的测定 酶底物法》(HJ 1001—2018)进行检测,使用Colilert®试剂盒(IDEXX, USA)。

致病菌的检测:嗜肺军团菌采用酶底物法进行检测,使用Legiolert®试剂盒(IDEXX, USA)。

病毒的检测:①病毒核酸浓缩和提取。使用切向流膜包法(VIVA FLOW50, 100k),将水样浓缩至一定体积,加入10%的聚乙二醇(PEG)和0.5 mol/L的氯化钠溶液,在15 000g下离心30 min,弃去上清液,使用140 μL超纯水洗脱沉淀,置于-80 °C保存。病毒核酸的提取使用试剂盒(QIAamp®Viral Mini Kit)。②病毒的检测。基于已发表的研究成果,进行特异性寡核苷酸引物设计和反应条件设置^[10-11],使用实时荧光定量(qPCR)方法对病毒核酸进行定量检测。

1.3 数据处理

采用对数去除率(LRV)表征再生水厂各处理工艺段对病原微生物的去除效果,计算公式如下:

$$LRV = \lg \frac{\text{进水微生物浓度}}{\text{出水微生物浓度}} \quad (1)$$

基于水质检测数据,利用 Origin 2021 软件对指示微生物、病原菌、病毒在各处理工艺单元的浓度和相关性进行分析和绘图。使用 Pearson 相关性检验分析指示微生物浓度数据之间、指示微生物与致病菌之间、指示微生物与病毒之间是否具有显著相关性,并构建一元线性回归模型。

2 结果与分析

2.1 指示微生物的浓度和去除情况

污水中病原微生物数量较多,难以分离和识别,因此常采用数量较多而又较容易检测的肠道细菌作为指示微生物指标,总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌是城镇污水和再生水回用标准中 3 种常用的指示微生物。该再生水厂进水和出水中 3 种指示微生物的浓度如图 1 所示。进水中的总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌浓度为 $10^7 \sim 10^8$ MPN/L,在二级出水中,粪大肠菌群浓度为 6.5×10^5 MPN/L,若要达到排放标准(≤ 1000 MPN/L),再生水深度处理单元的去除率至少需要达到 2.81-lg,实际检测结果表明,出水粪大肠菌群均值为 50 MPN/L,去除率可达到 4.11-lg,完全满足排放标准。

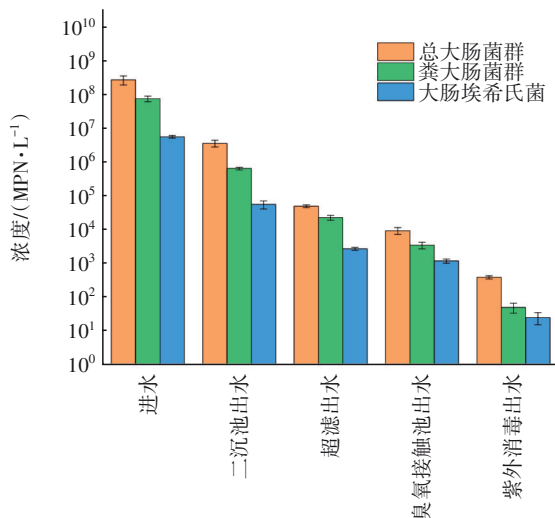


图 1 进水和各处理单元出水中总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌的浓度

Fig.1 Concentrations of TC, FC and EC in influent and effluent of each treatment unit

不同处理单元对总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌的去除贡献率如图 2 所示。二级生物处理单元对 3 种指示微生物的去除贡献率最高,占比

约 40%。二级处理单元对微生物的去除机理包括吸附、沉降、衰亡和分解等多种作用,大量微生物随剩余污泥排出系统^[6,12]。超滤单元对指示微生物的去除贡献率为 15%~21%。大肠埃希氏菌的直径为 0.25~1.0 μm,而超滤膜的孔径为 0.02 μm,理论上超滤膜可去除大部分的大肠埃希氏菌,但实际运行中仍有相当数量的微生物被检出。研究表明,超滤膜实际运行期间,不可避免地会发生膜丝老化和断裂等现象,导致微生物泄漏^[13],需要消毒单元进一步保障再生水的生物安全性。

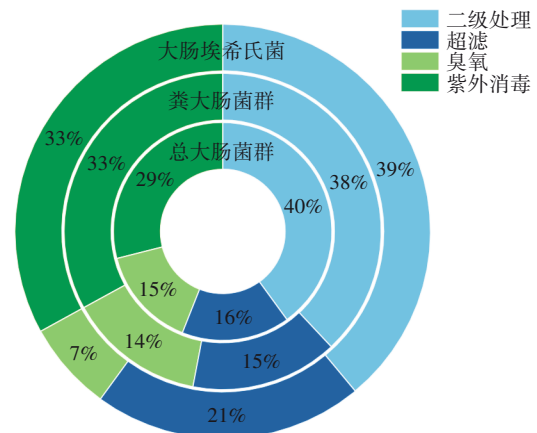


图 2 各处理单元对总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌的去除贡献率

Fig.2 Contribution of each treatment unit for the removal of TC, FC and EC

臭氧单元对总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌的去除贡献率分别为 15%、14% 和 7%。该再生水厂综合考虑运行成本,臭氧单元以脱色为主要目标,臭氧投加量设定为 2~3 mg/L。臭氧进入水中后,易与还原性物质和有机物等快速发生反应,被优先消耗掉一部分^[14],因此臭氧单元的消毒效果有限。紫外消毒单元能够进一步对水中残留微生物进行灭活,对总大肠菌群、粪大肠菌群和大肠埃希氏菌的去除贡献率分别为 29%、33% 和 33%。

2.2 病原菌的浓度和去除情况

检测结果显示,进水中的嗜肺军团菌平均浓度为 81 MPN/mL。现有研究表明,污水处理厂运行人员通过接触和吸入含有嗜肺军团菌的污水而患病的风险值很低,通过技术性和防护性措施能够有效降低感染概率^[15]。德国北莱茵-威斯特法伦州于 2016 年颁布了关于监测污水中军团菌的条例,根据该条例要求,当军团菌浓度低于 10^4 CFU/L 时无需采

取防护措施^[16]。

经过二级生物处理后,嗜肺军团菌的平均浓度降至 1.65 MPN/mL,去除率达到 1.69-lg,去除机理主要包括:军团菌附着在悬浮物上,在污泥沉降过程中得以去除;其他微生物与军团菌竞争营养物质;原生动物对军团菌的捕食作用^[6,17]。经超滤处理后出水中的嗜肺军团菌浓度降至检测限以下(<1 MPN/mL),军团菌的尺寸远大于超滤膜孔径,可被超滤膜有效截留去除。

2.3 典型病毒的浓度和去除情况

2.3.1 病毒检出率

现场采集再生水厂进水以及二沉池、超滤、臭氧接触池和紫外消毒渠出水水样 8 次,共计 40 份样本,6 种病毒的检出情况如表 1 所示。人腺病毒的检出率最高,达到 95%(38/40),诺如病毒 G I 型和 G II 型的检出率分别为 25%(10/40)和 22.5%(9/40)。进水中人腺病毒的检出率为 100%(8/8),经过臭氧和紫外线消毒处理后,人腺病毒检出率仍为 100%(8/8);进水中诺如病毒 G I 型和 G II 型的检出率分别为 75%(6/8)和 87.5%(7/8),经过深度处理工艺后,两种病毒均未检出。此外,人类疱疹病毒 6 型、人类疱疹病毒 8 型和甲型肝炎病毒在进水和各工艺段出水中均未检出。

表 1 进水和各处理单元出水中 6 种病毒的检出情况

Tab.1 Detection of six viruses in influent and effluent of each treatment unit

项目	样本份数	检出份数					
		人腺病毒	诺如病毒 G I	诺如病毒 G II	人类疱疹病毒 6 型	人类疱疹病毒 8 型	甲型肝炎病毒
进水	8	8	6	7	0	0	0
二沉池出水	8	8	4	2	0	0	0
超滤出水	8	7	0	0	0	0	0
臭氧接触池出水	8	7	0	0	0	0	0
紫外消毒出水	8	8	0	0	0	0	0
合计	40	38	10	9	0	0	0

2.3.2 病毒浓度及去除情况

人腺病毒、诺如病毒 G I 型和 G II 型在进水和各工艺段出水中的检出浓度如图 3 所示。在进水中,人腺病毒的检出浓度最高(2.7×10^6 copies/L),诺如病毒 G I 型和 G II 型次之,浓度分别为 5.0×10^5 和 1.3×10^4 copies/L,与文献报道的结果相似^[18-19]。经过二级处理和深度处理之后,出水的人腺病毒浓度

降至 5.3×10^3 copies/L,去除率为 2.70-lg;诺如病毒 G I 型和 G II 型在经超滤处理之后均未检出,去除率分别为 5.70-lg 和 4.11-lg。

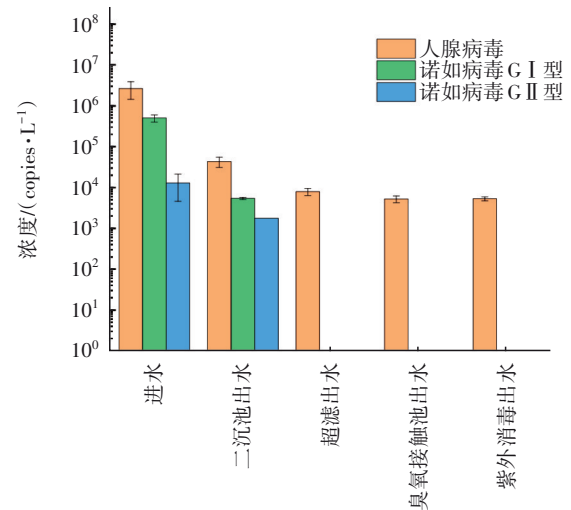


图 3 进水和各工艺段出水中人腺病毒、诺如病毒 G I 型和 G II 型的浓度

Fig.3 Concentrations of human adenovirus, norovirus G I and norovirus G II in influent and effluent of each treatment unit

研究表明,二级生物处理工艺对病毒的去除机理主要有 3 个方面:①菌胶团和颗粒物的吸附沉降作用;②微生物对病毒的捕食作用;③部分细菌如枯草杆菌、绿脓杆菌等分泌的蛋白酶,能够破坏病毒结构使其灭活^[20-22]。

超滤膜单元对人腺病毒的去除有限(0.76-lg),腺病毒直径为 70~90 nm,虽然超滤膜孔径(0.02 μm)比病毒尺寸小,但病毒仍能通过断裂的膜丝、封装环破裂和膜穿孔等透过膜^[23-24]。在美国的再生水回用指南中,对于孔径更小的反渗透膜(孔径为 0.000 1 μm)处理工艺,考虑到不同水厂中膜的安装和维护有很大差异,也仅给出了 2-lg~6-lg 的病毒去除率建议值^[22]。

经过臭氧和紫外线消毒处理之后,出水中人腺病毒仍有检出,可能的原因是人腺病毒属于无包膜的双链 DNA 病毒,结构稳定,是目前已知的对紫外线抗性最强的病毒^[23],Hijnen 等人研究表明,去除单位 lg 腺病毒所需的紫外剂量为 30 mJ/cm²^[25-26]。此外,即使人腺病毒的 DNA 被紫外线破坏,其仍然具有感染细胞的能力,还会利用宿主细胞进行 DNA 自我修复^[26-27]。多项研究表明,常规污水处理工艺对

人腺病毒的去除有限,人腺病毒在污水处理厂出水中的浓度为 $10^2 \sim 10^4$ copies/L^[7,28], 与本研究结果一致。

3 讨论

3.1 指示微生物之间的相关性

由于水中指示微生物、致病菌和病毒的浓度在数量级范围内波动,为了更直观地反映水样中指示微生物浓度的差异性,对各工艺段出水中的微生物浓度原始数据(MPN/L、MPN/mL或copies/L)进行以10为底数的对数(lg)转换处理。研究表明,城镇污水处理厂不同工艺出水中,微生物数量可看作连续变量且近似服从对数正态分布^[29-30],故使用Pearson相关性检验分析微生物浓度数据之间的相关性。

相关性分析结果显示,总大肠菌群与粪大肠菌群、总大肠菌群与大肠埃希氏菌、粪大肠菌群与大肠埃希氏菌的 Pearson 相关系数分别为 0.982、0.965、0.984,3种指示微生物两两之间均呈现显著正相关($P < 0.01$)。

分别对3种指示微生物指标进行线性回归分析,结果如图4所示。

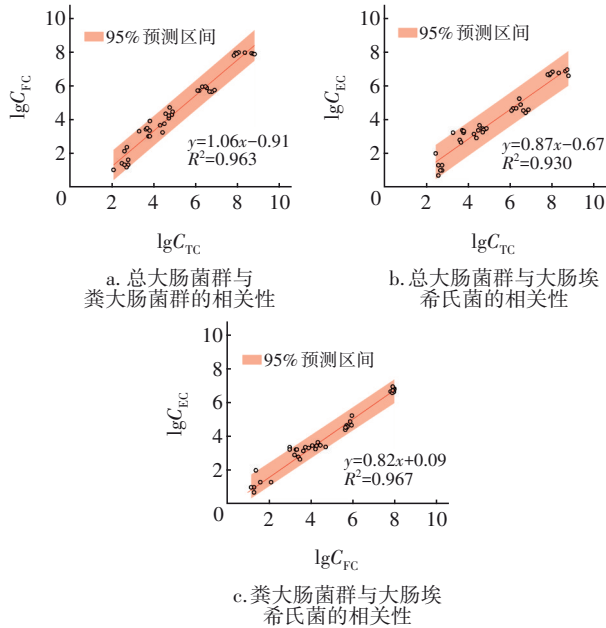


图4 3种指示微生物之间的线性相关性

Fig.4 Linear correlation among three indicator microorganisms

由图4可知,数据点均较紧密地分布在回归直线两侧,且基本位于95%预测区间。不同污水和再生水标准采用的指示微生物各不相同,如《城镇污水处理厂污染物排放标准》(GB 18918—2002)和

《城镇污水处理厂水污染物排放标准》(DB 11/890—2012)采用粪大肠菌群数作为微生物指标,《城市污水再生利用 城市杂用水水质》(GB/T 18920—2020)以大肠埃希氏菌作为指示微生物。该研究结果表明,3种指示微生物之间具备较强的线性相关关系($R^2 \geq 0.930$),因此,总大肠菌群、粪大肠菌群与大肠埃希氏菌均可作为微生物控制指标。

3.2 指示微生物与致病菌的相关性

对总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希氏菌3种指示微生物与致病菌(嗜肺军团菌)进行Pearson相关性分析,相关系数分别为0.804、0.803、0.816,3种指示微生物与嗜肺军团菌在0.01水平上呈现显著正相关。进一步对3种指示微生物与嗜肺军团菌进行一元线性回归模型分析,结果如图5所示。3种指示微生物可以较好地预测嗜肺军团菌的浓度变化($R^2 \geq 0.645$),随着指示微生物的减少,嗜肺军团菌浓度也会随之降低,表明指示微生物可在一定程度上反映嗜肺军团菌的浓度,这与刘焯辉^[31]的研究结果一致。

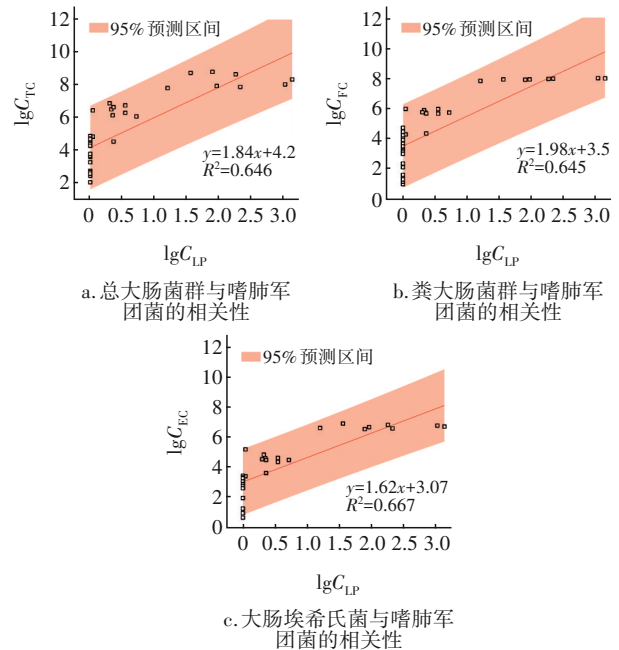


图5 指示微生物与嗜肺军团菌的线性相关性

Fig.5 Linear correlation between indicator microorganisms and *Legionella pneumophila*

3.3 指示微生物与病毒的相关性

总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希氏菌3种指示微生物与人腺病毒在0.01水平上呈显著正相关,相关系数分别为0.822、0.815和0.820。3种指示

微生物与两种诺如病毒均呈显著正相关($P<0.01$),相关系数大于0.874。其中,总大肠菌群与诺如病毒 G I 型的相关性最高,相关系数为0.907。

利用一元线性回归模型,对人腺病毒与3种指示微生物指标的平均浓度对数值进行拟合,结果如图6所示。3种指示微生物与人腺病毒指标都有较好的线性相关性,其中总大肠菌群与人腺病毒的相关性最高($R^2=0.676$)。结果表明,指示微生物指标可以反映该再生水厂各工艺段中人腺病毒的浓度变化情况。

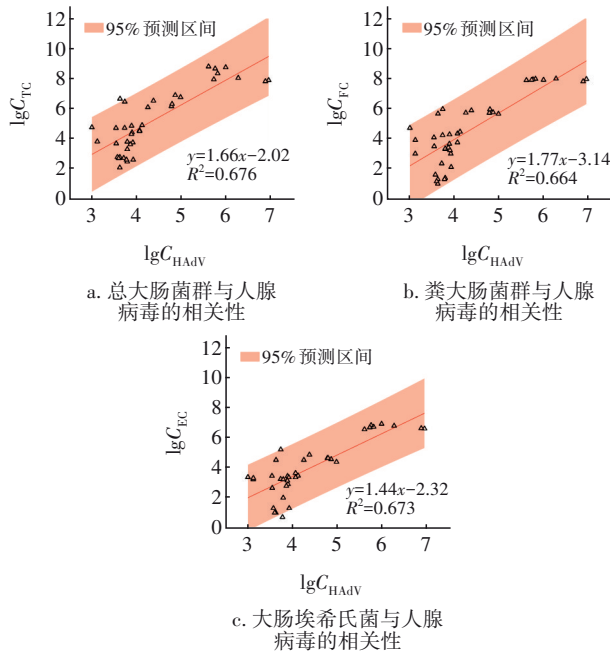


图6 3种指示微生物与人腺病毒的线性相关性

Fig.6 Linear correlations between microbiological indicators and human adenovirus

同理,对再生水厂各工艺段出水中总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希氏菌3种指示微生物与诺如病毒(G I型和G II型)进行Pearson相关性分析,结果显示,他们之间具有明显的线性相关性($R^2>0.770$),表明指示微生物可以较好地预测诺如病毒G I型和G II型在该再生水厂中各工艺段的浓度变化,这与Hörman等^[32]的研究结果一致。

4 结论

① 城镇再生水厂对指示微生物及病原菌均具有较好的去除效果,总大肠菌群、粪大肠菌群、大肠埃希氏菌3种指示微生物的去除率可达5-1g~6-1g,出水粪大肠菌群平均值为50 MPN/L,优于排放标准(≤ 1000 MPN/L)。二级处理和深度处理单元对

3种指示微生物的对数去除率占比分别约为40%和60%。嗜肺军团菌在进水中的浓度为81 MPN/mL,在超滤单元处理之后的出水中均未检出。

② 不同病毒的检出率和浓度差异较为明显,再生水厂进水和各处理单元出水中病毒检出率排序为:人腺病毒(95%, 38/40)>诺如病毒 G II型(87.5%, 35/40)>诺如病毒 G I型(75%, 30/40),甲型肝炎病毒、人类疱疹病毒8型和人类疱疹病毒6型均未检出,最终出水中除人腺病毒外,其他5种病毒均未检出。

③ 3种指示微生物之间、指示微生物与嗜肺军团菌之间、指示微生物与病毒之间均呈显著正相关($P<0.01$),表明在再生水厂中,指示微生物可在一定程度上表征嗜肺军团菌、人腺病毒、诺如病毒G I型和G II型的去除规律,通过控制指示微生物浓度水平,可以有效保障再生水的生物安全性。

参考文献:

- [1] 李激,王燕,熊红松,等. 城镇污水处理厂消毒设施运行调研与优化策略[J]. 中国给水排水, 2020, 36(8): 7-19.
LI Ji, WANG Yan, XIONG Hongsong, et al. Investigation and optimization strategies on the operation of disinfection facilities in municipal WWTPs [J]. China Water & Wastewater, 2020, 36(8): 7-19 (in Chinese).
- [2] 李魁晓,时玉龙,于丽昕,等. 新冠肺炎疫情期间城镇再生水厂协同消毒工艺运行实践[J]. 给水排水, 2020, 46(4): 48-53.
LI Kuixiao, SHI Yulong, YU Lixin, et al. Practice of synergistic disinfection process in water reclamation plants during COVID-19 epidemic [J]. Water & Wastewater Engineering, 2020, 46(4): 48-53 (in Chinese).
- [3] BIBBY K, BIVINS A, WU Z, et al. Making waves: plausible lead time for wastewater based epidemiology as an early warning system for COVID-19 [J]. Water Research, 2021, 202: 117438.
- [4] CARDUCCI A, FEDERIGI I, LIU D, et al. Making waves: coronavirus detection, presence and persistence in the water environment: state of the art and knowledge needs for public health [J]. Water Research, 2020, 179: 115907.
- [5] 孙志浩,明红霞,王斌. 替代指示微生物在粪便污染

- 源示踪中的研究现状[J]. 生命科学, 2019, 31(6): 620-627.
- SUN Zhihao, MING Hongxia, WANG Bin. Research on alternative indicators of fecal pollution in microbial source tracking [J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2019, 31(6): 620-627 (in Chinese).
- [6] 易鑫, 李娟, 黄京, 等. 北京市4种不同污水处理系统中病原菌变化研究[J]. 环境科学学报, 2015, 35(6): 1759-1767.
- YI Xin, LI Juan, HUANG Jing, *et al.* The variety regulation of pathogens in the different process of four wastewater treatment plants in Beijing [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2015, 35(6): 1759-1767 (in Chinese).
- [7] 王明星, 柏耀辉, 梁金松, 等. 应用FCM-qPCR方法定量检测水中常见病原体[J]. 环境科学, 2016, 37(1): 384-390.
- WANG Mingxing, BAI Yaohui, LIANG Jinsong, *et al.* Application of FCM-qPCR to quantify the common water pathogens [J]. Environmental Science, 2016, 37(1): 384-390 (in Chinese).
- [8] MONTAZERI N, GOETTERT D, ACHBERGER E C, *et al.* Pathogenic enteric viruses and microbial indicators during secondary treatment of municipal wastewater [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2015, 81(18): 6436-6445.
- [9] KORAJKIC A, MCMINN B R, HARWOOD V J. Relationships between microbial indicators and pathogens in recreational water settings [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2018, 15(12): 2842.
- [10] BRISEBOIS E, VEILLETTE M, DION-DUPONT V, *et al.* Human viral pathogens are pervasive in wastewater treatment center aerosols [J]. Journal of Environmental Sciences, 2018, 67: 45-53.
- [11] MCCALL C, WU H, MIYANI B, *et al.* Identification of multiple potential viral diseases in a large urban center using wastewater surveillance [J]. Water Research, 2020, 184: 116160.
- [12] 戴晓虎, 李小伟, 杨婉, 等. 污水处理厂污泥中病毒的赋存特性及处理处置过程中暴露风险防控研究进展[J]. 给水排水, 2020, 46(3): 60-73.
- DAI Xiaohu, LI Xiaowei, YANG Wan, *et al.* Virus in sewage sludge from wastewater treatment plant: occurrence and potential risk during sludge treatment and disposal [J]. Water & Wastewater Engineering, 2020, 46(3): 60-73 (in Chinese).
- [13] 张春雷, 郭强, 杨杨, 等. 浸没式超滤膜工艺应用中几个问题及调整[J]. 给水排水, 2015, 41(2): 9-15.
- ZHANG Chunlei, GUO Qiang, YANG Yang, *et al.* Several problems and countermeasures in the operation of immersed ultrafiltration membrane [J]. Water & Wastewater Engineering, 2015, 41(2): 9-15 (in Chinese).
- [14] 潘观连, 张逢, 席劲瑛, 等. 臭氧对再生水中指示病原微生物的灭活特性[J]. 环境工程学报, 2015, 9(7): 3191-3196.
- PAN Guanlian, ZHANG Feng, XI Jinying, *et al.* Inactivation characteristics of pathogenic microorganisms with ozone in reuse water [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2015, 9(7): 3191-3196 (in Chinese).
- [15] MEDEMA G, WULLINGS B, ROELEVELD P, *et al.* Risk assessment of *Legionella* and enteric pathogens in sewage treatment works [J]. Water Supply, 2004, 4(2): 125-132.
- [16] CAICEDO C, ROSENWINKEL K H, EXNER M, *et al.* *Legionella* occurrence in municipal and industrial wastewater treatment plants and risks of reclaimed wastewater reuse: review [J]. Water Research, 2019, 149: 21-34.
- [17] GANTZER C, GASPARD P, GALVEZ L, *et al.* Monitoring of bacterial and parasitological contamination during various treatment of sludge [J]. Water Research, 2001, 35(16): 3763-3770.
- [18] LODDER W J, DE RODA HUSMAN A M. Presence of noroviruses and other enteric viruses in sewage and surface waters in the Netherlands [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(3): 1453-1461.
- [19] HUGHES B, BEALE D J, DENNIS P G, *et al.* Cross-comparison of human wastewater-associated molecular markers in relation to fecal indicator bacteria and enteric viruses in recreational beach waters [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2017, 83(8): e00028-17.
- [20] POWELL T, BRION G M, JAGTOYEN M, *et al.* Investigating the effect of carbon shape on virus adsorption [J]. Environmental Science & Technology, 2000, 34(13): 2779-2783.
- [21] LUCENA F, DURAN A E, MORÓN A, *et al.* Reduction of bacterial indicators and bacteriophages infecting faecal bacteria in primary and secondary

- wastewater treatments [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2004, 97(5): 1069–1076.
- [22] COUNCIL N R. *Water Reuse: Potential for Expanding the Nation Water Supply Through Reuse of Municipal Wastewater*[M]. Washington D. C. :National Academies Press, 2012.
- [23] GERBA C P, BETANCOURT W Q, KITAJIMA M, *et al.* Reducing uncertainty in estimating virus reduction by advanced water treatment processes [J]. *Water Research*, 2018, 133: 282–288.
- [24] 郑祥, 石磊, 张巍, 等. 水系统公共卫生安全保障中的膜过程——病毒截留及其作用机理 [J]. *给水排水*, 2020, 46(5): 27–34.
- ZHEN Xiang, SHI Lei, ZHANG Wei, *et al.* Membrane-based processes in public health security of water and wastewater systems: virus interception and mechanisms [J]. *Water & Wastewater Engineering*, 2020, 46(5): 27–34 (in Chinese).
- [25] HIJNEN W A M, BEERENDONK E F, MEDEMA G J. Inactivation credit of UV radiation for viruses, bacteria and protozoan (oo)cysts in water: a review [J]. *Water Research*, 2006, 40(1): 3–22.
- [26] KONG J, LU Y, REN Y, *et al.* The virus removal in UV irradiation, ozonation and chlorination [J]. *Water Cycle*, 2021, 2: 23–31.
- [27] JIANG S C. Human adenoviruses in water: occurrence and health implications: a critical review [J]. *Environmental Science & Technology*, 2006, 40(23): 7132–7140.
- [28] OSUOLALE O, OKOH A. Incidence of human adenoviruses and Hepatitis A virus in the final effluent of selected wastewater treatment plants in Eastern Cape Province, South Africa [J]. *Virology Journal*, 2015, 12: 98.
- [29] 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.
- WANG Jiangquan, KANG Mi, ZHENG Xiang, *et al.* Occurrence and temporal–spatial distribution of fecal indicator microorganisms in three rivers of the Haihe River Basin [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, 37(1): 138–145 (in Chinese).
- [30] 叶茂. 城市污水再生利用的病原微生物风险分析 [D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2004.
- YE Mao. *The Risk Assessment of Pathogenic Microorganism for Wastewater Reuse and Reclamation* [D]. Xi'an: Xi'an University of Architecture and Technology, 2004 (in Chinese).
- [31] 刘焯辉. 慢滤-消毒对二级出水中条件致病菌的去除效能及机制 [D]. 北京: 北京建筑大学, 2021.
- LIU Yehui. *Removal Efficiency and Mechanism of Opportunistic Pathogens in Secondary Effluent by Slow Filtration and Disinfection* [D]. Beijing: Beijing University of Civil Engineering and Architecture, 2021.
- [32] HÖRMAN A, RIMHANEN-FINNE R, MAUNULA L, *et al.* *Campylobacter* spp., *Giardia* spp., *Cryptosporidium* spp., noroviruses, and indicator organisms in surface water in southwestern Finland, 2000–2001 [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, 70(1): 87–95.

作者简介:许骐(1994–),男,安徽黄山人,硕士,研发工程师,研究方向为污水深度处理与再生水利用。

E-mail: xuqi2975@163.com

收稿日期:2024-10-13

修回日期:2024-11-04

(编辑:刘贵春)

强化依法治水,携手共护母亲河