

## 研究简报

## 韩江汕头市区河段水质的微生物学监测

黄通旺<sup>1</sup> 杨宇峰<sup>2</sup> 吴克刚<sup>2</sup> 余纲哲<sup>2</sup>

(1. 汕头大学生物学系; 2. 汕头大学科学中心海洋生物实验室, 汕头 515063)

MICROBIOLOGICAL SURVEY OF WATER QUALITY OF  
SHANTOU SECTION OF HANJIANG RIVERHUANG Tong-wang<sup>1</sup>, YANG Yu-feng<sup>2</sup>, WU Ke-gang<sup>2</sup> and SHE Gang-zhe<sup>2</sup>

(1. Department of Biology, Shantou University;

2. Marine Biology Lab, Science Center, Shantou University, Shantou 515063)

关键词: 韩江; 水质; 微生物学监测

Key words: Hanjiang River; Water Quality; Microbiological Survey

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 1000-3207(2002)01-0105-04

韩江(Hanjiang River)发源于赣、闽、粤三省交界山地,下游分多条支流放射状地流入韩江三角洲平原,于汕头、澄海的多个入海口汇入南海。其中流经汕头市辖区长约14km的一条支流称为梅溪。韩江干流全长470km,流域面积30112km<sup>2</sup>,是广东省第二大河流,是潮汕地区的主要水源<sup>[1]</sup>。近年来,随着韩江流域特别是下游经济的发展和人口的增加,排入韩江的工业废水、生活污水不断增加,韩江水污染的问题日益突出并进一步影响到汕头海域的水质。为保护韩江,科学、合理地利用有限的水资源,1998年4月至1999年8月,作者对韩江下游汕头市区河段(梅溪)的水质进行了微生物学监测,以查明该河段水体中的微生物区系及其变化情况,为综合整治韩江的水污染及合理利用韩江的水资源提供科学的依据。

## 1 研究方法

1.1 采样站的设置 根据梅溪的走势及支流汇合情况(图1),共设置4个采样站: 站位于梅溪入海口,梅溪河水于此处与汕头海湾的海水交汇,毗邻汕头港; 站位于四码头,是大港、西港与梅溪二小支流的汇合处,附近有一修船厂; 站位于杏花桥下,附近常有运载沙、砖、水泥的船舶停泊、卸货; 站位于东墩渡口,附近的卫生状况相对较好。

1.2 采样方法 1998年4月至1999年8月期间共采样8次。其中1998年10月至1999年4月间梅溪上游的梅溪桥闸关闭,导致梅溪干流成为半封闭式河道。所有检验用水样均以无菌瓶于水面下方20cm处采得,采样完毕,立即送实验室进行检验(4h内)。

收稿日期: 2000-04-08; 修订日期: 2001-05-20

基金项目: 国家重点基金项目(39630060); 国家杰出青年基金项目(39625008)

作者简介: 黄通旺(1965—),男,湖南省江华县人;现主要从事微生物学方面的教学与科研工作

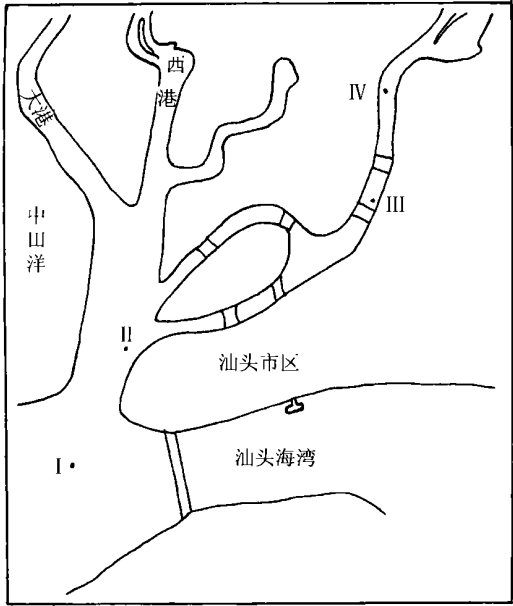


图 1 采样站设置示意图

Fig. 1 The sketch map showing the 4 sampling stations

1.3 细菌总数的检验 用普通平板菌落计数法检验<sup>[2]</sup>。根据水样清洁程度将水样用无菌水作适当稀释,取稀释液 1mL 于平皿内与融化并冷却至 45 的营养琼脂培养基混合,凝固后于 37 培养 48h,计菌落数并计算。所用营养琼脂由卫生部上海生物制品研究所生产。

1.4 大肠菌群的检验 用十二烷基硫酸钠滤膜法检验<sup>[2]</sup>。视水样的清洁程度过滤适量的水样或水样稀释液于硝化纤维膜(孔径 0.45—0.65μm)上,再将纤维膜移放在十二烷基硫酸钠培养基平板上,37 培养 24h,计数黄色与奶黄色菌落并计算。必要时将可疑菌落进行革兰氏染色和接种于乳糖发酵管复发酵进行证实。

1.5 粪大肠菌的检验 用 M-TEC 滤膜法通过高温试验来检验<sup>[2]</sup>。先将水样过滤于滤膜上(同 1.4),滤膜移放在 M-TEC 培养基平板中,37 预培养 2h 后移至 44.5 ± 0.2 培养 24h,计数黄色菌落并计算。必要时将可疑菌落接种于乳糖发酵管复发酵进行证实。

2 结果与讨论

微生物学检验的测定结果见表 1。从表 1 可知,每个采样点的微生物学指标依采样日期不同所测得的结果差异较大,如在 站,细菌总数最大值与最小值间相差 11.1 倍,大肠菌群相差 24.7 倍,粪大肠菌群相差 10.3 倍。这主要与采样时的气象条件有关,如汛期雨后河水混浊,大量的微生物随着地表径流流入河水中,往往使测定值偏高;而夏季水温较高,微生物繁殖加快,测定值也随之增大;另外,枯水期由于水量小,流速慢,微生物在一个较小的范围内繁殖,也会使测定值偏大(如 1998 年 11 月 25 日和 1999 年 1 月 20 日两次采样时处于关闸期,测定值大大高于正常值。);此外,测定值还与采样点附近的污染源排放情况有关。总的来看,三个指标的测定值之间存在着正相关关系,即当细菌总数测定值高时,大肠菌群、粪大肠菌群的测定值也较高,反之亦然。这与微生物污染的一般情况相符,即微生物污染一般是多种微生物的混合污染。

表 1 微生物学指标测定结果

Tab. 1 Result of Microbiological Detection

项目	站点	采样日期( 1998 年 4 月—1999 年 8 月)							
Item	Station	Sampling date ( April, 1998– August, 1999)							
细菌总数		11. 3	3. 3	5. 6	2. 0	4. 6	13. 0	3. 4	1. 98
Bacterial		7. 8	1. 8	0. 7	1. 5	36. 0	27. 0	1. 2	2. 8
count		2. 2	2. 6	1. 9	1. 1	430	36. 0	0. 82	3. 2
10 <sup>4</sup> mL <sup>-1</sup>		0. 4	0. 7	0. 3	0. 4	560	37. 0	0. 7	1. 6
大肠菌群		3. 90	1. 26	8. 50	1. 80	13. 40	12. 00	8. 80	18. 00
Coliform		2. 10	1. 20	0. 89	2. 70	30. 00	38. 00	3. 00	22. 00
10 <sup>3</sup> mL <sup>-1</sup>		0. 52	1. 60	1. 50	0. 52	1360	42	0. 12	2. 70
		0. 11	0. 48	0. 92	0. 23	720	58	0. 50	0. 88
粪大肠菌群		3. 60	1. 20	8. 30	1. 60	0. 40	3. 50	7. 80	4. 20
Fecal		2. 00	1. 05	0. 76	0. 92	9. 20	1. 20	2. 60	7. 80
coliform		0. 48	1. 20	1. 30	0. 47	20. 0	7. 60	0. 10	1. 30
10 <sup>3</sup> mL <sup>-1</sup>		0. 10	0. 47	0. 88	0. 18	90. 0	14. 0	0. 40	0. 62

综合各次测定结果可以看出, 梅溪河段微生物的数量分布具有明显的规律性。在非关闸期, 从上游到下游, 沿河流纵向逐渐增多(图 2)。站的细菌总数、大肠菌群和粪大肠菌群平均值分别是站的 13.5、13.5 和 10.1 倍。据统计, 梅溪沿岸有 37 个排污口, 并经常有运载沙石、水泥等建筑材料的运输船经过或停泊(下游尤甚), 直接排入河水的工业废水、生活污水及生活垃圾成为梅溪河段的微生物主要污染源。而当梅溪桥闸关闭时微生物的数量分布与非关闸期正好相反, 即上游的微生物数量比下游多, 这是由于关闸期间河水流速缓慢, 微生物大量繁殖而数量增加, 处于下游的站、站的细菌数因海水回流稀释而比站、站低。

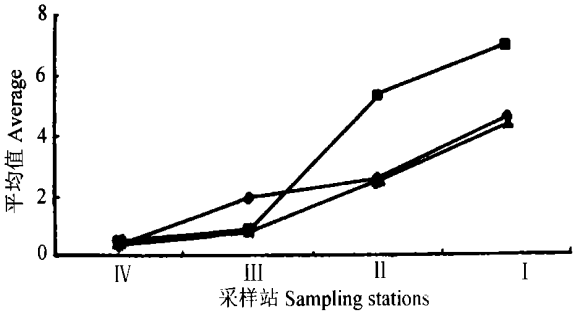


图 2 非关闸期微生物数量随采样站变化图

Fig. 2 Variation of microbial value with the stations during the water-gate was opened

◆ 细菌总数(10<sup>4</sup>mL<sup>-1</sup>)    ■ 大肠菌群(10<sup>2</sup>mL<sup>-1</sup>)

▲ 粪大肠菌群(10<sup>2</sup>mL<sup>-1</sup>)

水体中细菌总数常用的测定方法有平板法、MPN 法、直接计数法<sup>[3]</sup>、AODC 法<sup>[4]</sup>等,它们都有各自的优势和局限性。利用平板法测得的细菌总数实际上是好氧或兼性厌氧的异养菌数量。樱井善雄利用平板法测定了从山间的清澈溪流到城市的污染河流水体中的细菌总数,并研究了 BOD 和细菌数量的关系,认为异养菌数量是对河水有机污染反映敏感的指标。近年来,大量的研究表明,异养细菌在水域生态系统中起着重要作用:降解许多水生动物无法利用的有机质;将溶解有机质转化为颗粒有机质以供给水体中水生生物摄食<sup>[5,6]</sup>。这从另一方面也说明了水体中有机质含量与异养菌数量有着密切的关系。所以,梅溪的细菌总数的变化也反映了有机污染的变化。

大肠菌群是指一群好氧及兼性厌氧,在 37℃、24h 能分解乳糖产酸产气的革兰氏阴性无芽孢杆菌,它主要来源于人畜粪便,通常可作为水体粪便污染的指标菌。粪大肠菌群是大肠菌群中来自温血动物粪便的一部分,可在 44.5℃下生长并发酵乳糖产酸产气,能更准确地反映出水体受粪便污染的情况<sup>[2]</sup>。从梅溪的监测结果来看,大肠菌群的数量很多(总平均数 345 个/mL),粪大肠菌群数常常接近于大肠菌群数(在非关闸期各站点粪大肠菌群平均值与大肠菌群平均值的比值分别为:站 0.63、站 0.47、站 0.88、站 0.84)。这说明梅溪河段的粪便污染十分严重。

梅溪河段细菌类微生物的数量远较清洁河水(细菌总数 100—1000 ind/mL、大肠菌群 10000 ind/L)为多,且沿河流纵向逐渐增多,说明其微生物污染十分严重且仍有多处新的污染源加入。根据我国《地面水环境质量标准》(GBZB1—1999)<sup>[7]</sup>,Ⅲ类地面水域粪大肠菌群数应在 10000 个/L 以下,而梅溪河段粪大肠菌群普遍超过这一指标,所以,梅溪水质达不到Ⅲ类水体的要求,治理污染刻不容缓。

本文从微生物学的角度对韩江汕头市河段的水质进行了初步的评价。由于大多数微生物都能适应环境的一定变化,而能影响微生物的种群数量的环境因素多种多样,污染只是其中之一,因此,只有将微生物学指标与其它生物学指标及化学检测指标等来综合评定水质,才能得出更准确、科学的结论。有关韩江水质的监测的其它工作有待进一步的研究。

#### 参考文献:

- [1] 王琳乾. 潮汕自然地理[M]. 广州: 广东人民出版社, 1992, 103—105
- [2] 俞毓馨. 环境工程微生物检验手册[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1990, 220—235
- [3] 日本生态学会环境问题专门委员会编(卢全章译). 环境和指示生物(水域分册)[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1987, 50—55
- [4] Timothy R P, et al. A Manual of Chemical and Biological Methods for Seawater Analysis [M]. England: Pergamon Press, 1984, 123—132
- [5] Amon R M W, Benner R. Bacterial utilization of different size classes of dissolved organic matter [J]. *Limnol. Oceanogr.*, 1996, **41**(1): 41—51
- [6] Hanisch K, B Schweitzer, M Simon. Use of dissolved Carbohydrates by Planktonic Bacteria in a Mesotrophic lake [J]. *Micr. b. Ecol.*, 1996, **31**: 41—55
- [7] 中华人民共和国标准 GBZB1—1999. 北京: 中国标准出版社, 1999