

述评与讨论

DOI: 10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2023.10.001

给水管网生物稳定性研究:现状、挑战与未来

陈晓晨¹, 肖亮¹, 陈之歆², 魏忠庆³, 龚珑聪³, 牛佳²,
徐开钦⁴

(1. 福州大学环境与安全工程学院 福建省农村废弃物绿色循环技术工程研究中心, 福建福州 350108; 2. 福建工程学院生态环境与城市建设学院 城镇给排水系统安全与节能工程技术中心, 福建福州 350118; 3. 福州水务集团有限公司, 福建福州 350001; 4. 日本国立环境研究所 资源循环与废弃物研究中心, 日本)

摘要: 给水管网生物稳定性是指管网中微生物的生长导致饮用水水质在输配过程中发生恶化的潜力。准确、合理地评价给水管网的生物稳定性是保障饮用水水质安全的前提,常用方法包括基于生物稳定性评价指标的预测性评价方法和基于微生物丰度、活性及群落组成的直接评价方法。深入理解给水管网中水力条件、管道特征、营养基质、消毒剂 and 抗生素耐药性等因素对生物稳定性的影响有助于制定更有效的控制策略。然而,如何通过实际管网取样和生物膜培养反应器获得具有代表性的环境样品以及如何利用现代分子生物学技术获取有用信息是该研究领域面临的主要挑战。基于此,从给水管网生物稳定性研究的现状(评价方法、影响因素、控制策略)出发,对当前研究的主要瓶颈进行讨论,并展望该领域未来的发展趋势与可能的研究方向。

关键词: 给水管网; 生物稳定性; 饮用水; 评价方法; 影响因素; 控制策略

中图分类号: TU991 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2023)10-0001-09

A Review on the Biological Stability of Drinking Water Distribution System: Current Status, Challenges and Future

CHEN Xiao-chen¹, XIAO Liang¹, CHEN Zhi-xin², WEI Zhong-qing³,
GONG Long-cong³, NIU Jia², XU Kai-qin⁴

(1. Fujian Provincial Engineering Research Center of Rural Waste Recycling Technology, College of Environment & Safety Engineering, Fuzhou University, Fuzhou 350108, China; 2. Center of Safe and Energy-saving Engineering Technology for Urban Water Supply and Drainage System, School of Ecological Environment and Urban Construction, Fujian University of Technology, Fuzhou 350118, China; 3. Fuzhou Water Group Co. Ltd., Fuzhou 350001, China; 4. Center for Material Cycles and Waste Management Research, National Institute for Environmental Studies, Japan)

Abstract: Biological stability of the drinking water distribution systems refers to the potential of

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(52000032); 福建省自然科学基金资助项目(2018J05011); 福建工程学院科研启动金资助项目(GY-Z17075); 晋江市福大科教园区发展中心科研项目(2019-JJFDKY-07)

通信作者: 牛佳 E-mail: niujia@fjut.edu.cn

drinking water quality deterioration caused by the growth of microorganisms in the drinking water distribution systems. Accurate and reasonable evaluation of the biological stability of drinking water distribution systems is the premise to ensure drinking water quality safety. The common evaluation methods include predictive evaluation based on biological stability evaluation index and direct evaluation based on microbial abundance, activity and community composition. The influence mechanisms of hydraulic conditions, pipeline characteristics, nutrient substance, disinfectant and antibiotic resistance on biological stability in drinking water distribution systems should be deeply understood to formulate more effective control strategies. However, how to obtain representative environmental samples through actual pipe network sampling and experimental equipment research and how to use molecular biotechnology to obtain useful information are the main challenges in this research field. Therefore, the current situation of the research on the biological stability of drinking water distribution systems in three aspects: evaluation methods, influencing factors and control strategies were introduced. In addition, the main challenges currently faced by this field were discussed. Finally, the future development trend and possible research directions in this field were prospected.

Key words: drinking water distribution system; biological stability; drinking water; evaluation method; influencing factor; control strategy

1 研究背景

微生物在给水管网中的“二次生长”会降低饮用水水质^[1]。给水管网生物稳定性研究已成为近年来研究的热点,但对其定义并不明确。综合前人对饮用水生物稳定性的理解,结合给水管网在饮用水输配过程中扮演的重要角色,将给水管网生物稳定性界定为管网中微生物生长导致饮用水水质在输配过程中发生恶化的潜力。

过去,关于给水管网生物稳定性的研究大多集中在饮用水和管壁生物膜上,源源不断的水流为管壁生物膜中的微生物提供了各种营养物质,一些病原体如鞘氨醇单胞菌、嗜肺军团菌和环状病毒等可以在生物膜中存活,当生物膜发生脱落时将破坏饮用水水质。此外,管壁生物膜会加速管道的腐蚀和结垢,并对饮用水的味道、气味和颜色产生不利影响^[2]。近些年的研究开始逐渐强调对给水管网中饮用水、悬浮固体、管壁生物膜和管网沉积物四相的综合理解,已有的研究发现微生物在这四相中均存在且后三者在一定条件下可成为污染物的源与汇^[3]。四相中,饮用水主要含有较低的微生物负荷、颗粒负荷和营养负荷,同时还含有一定浓度的消毒剂;悬浮固体主要为一些无机颗粒;管壁生物膜是微生物细胞的聚集体,水作为其主要组成成分占总体积的90%以上,而微生物仅占总体积的2%~5%,

这些微生物被胞外聚合物(Extracellular Polymeric Substances, EPS)基质所包裹, EPS的主要成分为多糖和蛋白质,它能富集各种营养基质,并降低消毒剂对微生物群落的影响;管网沉积物的形成源自悬浮固体在管道底部的沉积,其包含了较高浓度的有机化合物以及铁、锰和铝等无机基质,为微生物提供了有利的生长环境^[4]。Liu等^[3]对给水管网四个相中的活性生物量进行了比较,结果表明,在管网部分区段,沉积物中活性微生物的数量远高于其他相。此外,较高的流动性有利于悬浮固体和管网沉积物中的微生物到达用户端水龙头,这将增加潜在的健康风险。由此可见,给水管网生物稳定性的研究对保障饮用水水质安全具有重要意义。

2 给水管网生物稳定性研究现状

目前,给水管网生物稳定性相关的研究工作主要是通过各种评价指标和方法对其进行预测和评价,并探索水力条件、管道特征、营养基质、消毒剂和抗生素耐药性等因素的影响,以实现制定更为有效的控制策略以及保障饮用水水质安全的目的。

2.1 评价方法

2.1.1 预测性评价方法

预测性评价是一种基于生物稳定性评价指标的方法。生物可同化有机碳(Assimilable Organic Carbon, AOC)和生物可降解溶解性有机碳

(Biodegradable Dissolved Organic Carbon, BDOC)是目前应用最为广泛的生物稳定性评价指标。通常认为,未氯化饮用水中AOC低于10~20 μg/L乙酸碳时,或氯化饮用水中AOC低于50~100 μg/L乙酸碳时,饮用水生物稳定性较好。当水温为15℃或20℃时,将饮用水中的BDOC浓度分别控制在0.3 mg/L和0.15 mg/L以下,可保证饮用水的生物稳定性。

此外,给水管网中的无机物也会影响微生物的生长,当饮用水中微生物可利用磷(Microbially Available Phosphorus, MAP)为1~3 μg/L时,磷将取代有机物成为给水管网微生物生长的限制因子。为量化饮用水促使材料表面形成生物膜的可能性,有研究提出了生物膜形成速率(Biofilm Formation Rate, BFR)评价指标,将饮用水的BFR值控制在10 pgATP/cm²以下,可避免由管壁生物膜生长所引起的生物稳定性问题^[1]。

生物稳定性评价指标的设定有助于选择和调整饮用水的处理工艺,预测管网可能面临的生物增殖风险,是提升给水管网生物稳定性的重要驱动力。但是该评价方法仅适用于水中生物稳定性的预测,很难准确反映给水管网中微生物生长的实际情况以及生物稳定性与管网各个界面和各种因素的联系^[1]。

2.1.2 直接评价方法

直接评价方法是基于微生物丰度、活性和群落组成的一种评价方法。给水管网生物稳定性可以体现在微生物丰度变化上,表征环境样本中微生物丰度的常用方法包括异养菌平板计数(Heterotrophic Plate Count, HPC)、指示微生物(如总大肠菌群)计数、流式细胞术(Flow Cytometry, FCM)计数和定量实时聚合酶链式反应(Quantitative Real-time Polymerase Chain Reaction, Q-PCR)定量分析。过去一个世纪,HPC和指示微生物计数法由于操作简单、成本低,在饮用水监测、管理过程中发挥了至关重要的作用,然而越来越多的研究表明,传统的培养方法忽略了给水管网中不可培养的微生物^[1]。Perrin等^[5]分别采用HPC和高通量测序技术对巴黎某给水管网饮用水微生物群落进行表征,比较后发现通过HPC方法检测到的微生物占比不足1.8%。FCM是一种利用聚焦激光束照射样品产生的散射光和荧光进行粒子检测的高通量技术,检测成本

低、自动化潜力高,能够实现对饮用水中细菌、病毒和原生动物等的实时监测^[6]。Lautenschlager等^[7]分别采用HPC和FCM计数两种方法表征饮用水中微生物的丰度,结果表明FCM计数的灵敏度远高于HPC。但对于含有消毒剂的饮用水,由于细胞数量少、细菌样颗粒干扰大,需对样品进行预处理,而预处理不仅耗时且具有主观性^[8]。Q-PCR是对待测样本中特定DNA序列进行定量分析的方法,该技术已被用于给水管网中细菌、真菌、古菌和特定条件致病菌的定量分析^[9]。Chen等^[10]通过Q-PCR技术研究发现生物膜样品中条件致病菌的丰度显著高于饮用水样品。

此外,指示微生物活性的常用指标ATP也被用于评价管网生物稳定性。作为一种富含能量的代谢化合物,ATP可在所有活细胞中形成^[11]。Liu等^[3]通过ATP测量量化荷兰某给水管网饮用水、悬浮固体、管网沉积物和管壁生物膜中的活性生物量,并将结果在1 m长的水管上进行标准化,研究表明管网沉积物和管壁生物膜中ATP的浓度占总数的98%。ATP测量具有检测限低和分析时间短等优点^[11],但其缺陷也非常明显,由于其只能从整体上了解微生物的活性,因此可能出现部分病原体数量增加而ATP浓度保持不变甚至下降的现象。

表征微生物群落组成是阐明给水管网微生物生态学复杂性的第一步,目前用于该目的分子生物学技术主要包括指纹技术和测序技术两类,它们通过提取样品中的核酸,经聚合酶链式反应(Polymerase Chain Reaction, PCR)扩增标记基因后获取微生物的分类学信息。变性梯度凝胶电泳(Denaturing Gradient Gel Electrophoresis, DGGE)和末端限制性片段长度多态性(Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism, T-RFLP)等指纹技术加深了对给水管网微生物种群遗传多样性的理解^[1]。通过指纹技术可以快速了解不同水样之间微生物群落组成的差异,进而了解水源水质和消毒策略等因素对微生物群落的影响。此外,指纹技术还被用于饮用水和生物膜中条件致病菌的监测^[12]。Nagy^[13]对三个采用不同水处理工艺的给水管网进行了研究,通过T-RFLP技术揭示了不同管网饮用水微生物群落组成之间的显著差异。与指纹技术相比,高通量测序技术可对微生物群落组成进行更为全面和彻底的表征,获得的信息将有助

于制定反应更迅速和成本效益更高的监测策略。Santos等^[14]利用高通量测序技术捕获了饮用水中细菌群落在昼夜时间尺度上的显著变化。而近几年,宏基因组学研究已渗透到各个领域,它可以定义复杂微生物群落的分类学和基因功能。Douterelo等^[15]通过宏基因组鸟枪法测序技术揭示了管壁生物膜中微生物对消毒剂和抗生素等外部应激物的

抗性及其损伤修复机制。

上述不依赖培养的方法不仅能够对给水管网不同相中微生物丰度、活性和群落组成的时空变化进行研究,还具有较高的灵敏度,因此可以更加精确和切实地反映给水管网的生物稳定性。

综上所述,给水管网生物稳定性评价方法对比分析如表1所示。

表1 给水管网生物稳定性评价方法对比分析

Tab.1 Comparative analysis of evaluation methods of biological stability for drinking water distribution system

评价方法	指标/技术	特征/优点	缺点
基于生物稳定性评价指标的预测性评价方法	AOC BDOC MAP BFR	基于培养的方法,操作简单,成本低,实验条件易满足,有明确的参考值,可预测给水管网的生物稳定性,有益于饮用水处理工艺的控制	耗时长,灵敏度较低,只能对新鲜的样本进行分析
基于微生物丰度、活性和群落组成的直接评价方法	丰度 HPC FCM Q-PCR	可对给水管网各个相中微生物的丰度进行直接评价,切实反映给水管网生物稳定性	HPC会低估样本中微生物的丰度,FCM需对样品进行预处理,没有明确的参考值
	活性 ATP	检测限低,耗时短,切实反映给水管网生物稳定性	只能从整体上了解微生物的活性,没有明确的参考值
	群落组成 DGGE T-RFLP 高通量测序 宏基因组学	评价样品间微生物群落组成差异,灵敏度高,切实反映给水管网生物稳定性,冷冻样品可在任意时间用于分子生物学实验	成本高,实验操作和信息解读难度大,DNA提取效率和PCR扩增偏好性影响实验结果准确度

2.2 影响因素

2.2.1 水力条件

给水管网中的水力条件变化频繁,促进了管网内部微生物生态位的分化,并在饮用水、悬浮固体、管壁生物膜和管网沉积物四个相的相互作用中起主导作用。流速的升高会促进饮用水中营养基质的运输,使管壁生物膜生长速度加快,同时,较高的剪切力也会促进管壁生物膜的脱落和管网沉积物的再悬浮,导致水质发生恶化。在雷诺数为5 000的条件下,管壁生物膜中超过90%的 *legionellae* (军团杆菌属) 将进入水相。反之,用水量的下降则将导致管网内较低的流速和较长的水力停留时间,从而造成饮用水中细菌丰度和群落多样性的升高^[16]。

2.2.2 管道特征

管材、管径和管龄都会对给水管网的生物稳定性产生重要影响。一般认为管材对管壁生物膜中微生物的生长速率、丰度、群落组成和功能特性都具有显著影响^[17]。已有的研究发现,金属管道内微生物的数量往往高于聚合物管道,这与聚合物材料表面更加光滑,能够减少微生物的附着有关。但是

金属管道易形成腐蚀产物,从而生成一道有效的物理防护屏障,使微生物能够抵御由水力条件改变和消毒剂引起的不利影响^[18]。管径对生物稳定性的影响体现在管径越小则其内表面积与体积之比越大,从而加快管道材料的浸出、生物膜的形成和消毒剂的衰减。此外,给水管网含有大量陈旧、老化的管道,常年的运行使其内部积累了较多的水垢、生物膜和沉积物,旧管道还会由于破裂风险较高而使得管网生物稳定性更易受到外部环境的影响^[18]。

2.2.3 营养基质

管网内微生物繁殖所需的营养基质主要来源于出厂水,这与常规水处理工艺在营养基质去除方面的局限性有关,而氯胺消毒过程中氨的添加也被证明能够促进氨氧化微生物的生长。此外,微生物还可从管道材料中获得营养基质,如合成高分子材料和铁管中释放的有机物、氮和磷等^[9]。饮用水中营养基质的种类和浓度共同决定了管网微生物的生态位^[1]。研究较多的微生物生长限制因子是有机营养基质和磷元素,通过相应的生物稳定性评价指标,可预测管网中微生物生长的潜力^[1]。此外,管网

中的微量元素也与微生物生长密切相关,如饮用水中铁和铜的浓度将决定管壁生物膜的生长状况^[19]。

2.2.4 消毒剂

氯化消毒是应用最为广泛的消毒策略之一,消毒剂加入水中形成的HClO能够与细胞壁成分反应,进入细胞质并降解细胞内的DNA^[20],进而抑制管网中微生物的生长。研究发现,悬浮固体、管壁生物膜和管网沉积物中的微生物往往对消毒剂具有更高的抗性。消毒剂在饮用水输配过程中能与有机物反应,产生具有致癌风险的消毒副产物,而生物膜和管网沉积物亦可加快消毒剂的衰减,进一步促进消毒副产物的形成^[21]。为了保证给水管网末端的余氯浓度,并减少消毒副产物的产生,不少水厂选择采用氯胺消毒^[20],但如何避免氯胺消毒过程中硝化作用的发生是目前面临的主要挑战。

2.2.5 抗生素耐药性

近年来,随着抗生素耐药性问题的普遍发生,抗生素抗性细菌(Antibiotic Resistant Bacteria, ARB)和抗生素抗性基因(Antibiotic Resistance Genes, ARGs)在给水管网中的存在、归趋备受关注。其中管壁生物膜微生物的抗生素耐药性受到格外关注,这是由于生物膜中的微生物更倾向于通过调节基因的表达来适应环境的改变,在消毒剂的作用下,它们会表现出更高的突变率,同时,生物膜中的细胞浓度更高,可移动基因元件和ARGs可以在生物膜基质中不断积累,这些特点均有利于管壁生物膜微生物获得ARGs^[22-23]。管壁生物膜的脱落又将影响给水管网微生物的整体耐药性^[24]。

2.3 控制策略

根据已有的对给水管网生物稳定性影响因素的研究,提出了如图1所示的控制策略来保障输配水过程中的生物稳定性。

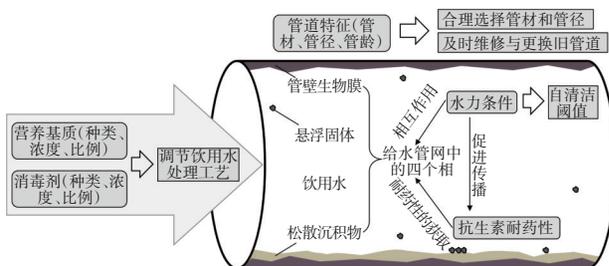


图1 给水管网生物稳定性控制策略

Fig.1 Biological stability control strategy for drinking water distribution system

结合管道特征,合理控制管网的液压系统,可使水流在管网中以合适的速度平稳流动^[22]。此外,研究管道特征与管网微生物的内在联系将有助于减少管网的干预成本,管材和管径的合理选择以及老化管道的及时维修与更换,都将有助于保障给水管网的生物稳定性^[20,25],如禁止使用会释放有机物的聚合物作为管道材料^[24]。

Kirisits等^[26]指出,生物过滤和颗粒活性炭过滤等处理工艺可有效降低饮用水中有机营养基质的含量,进而作为“播种器”影响下游微生物的群落组成。结合AOC、BDOC和MAP等生物稳定性评价指标,改变出厂水中营养物质的种类、浓度和比例,从而达到控制给水管网微生物丰度和群落组成的目的^[19]。Wagner等^[27]的研究发现,降低饮用水中铜的浓度能够抑制生物快滤池中的硝化作用,为有效控制管网硝化作用的发生提供了思路。消毒剂在给水管网生物稳定性控制中发挥着至关重要的作用,但同时也面临着输配水过程中消毒剂衰减的问题,以及由于消毒剂使用产生的耐氯细菌、抗生素抗性细菌问题^[11,28]。面对消毒剂产生的种种负面效应,荷兰供水行业在不添加消毒剂的情况下有效保障了给水管网的生物稳定性。Zlatanovic等^[29]揭示了“荷兰秘密”,即选择最佳的饮用水水源,采用最有效和最先进的水处理技术,降低出厂水中营养基质的浓度,采用生物稳定的管道材料以减少微生物的定殖,通过保持较低的漏损率以及避免负压的产生来减少外来污染物对给水管网的影响,并加强给水管网的优化、维护以及对饮用水水质的监测。

3 给水管网生物稳定性研究面临的挑战

3.1 代表性环境样品的获取

代表性环境样品的获取是决定实验结果准确性和有效性的关键因素,对管网“黑箱”的研究亟需在样品采集上统一标准,避免对给水管网随机样品中微生物生态位的错误解读,并为制定合理的生物稳定性控制策略提供保障。

3.1.1 实际管网取样

大多数管网生物膜取样都是在管道维修、更换过程中进行的,然而在挖掘和切割管道的过程中往往容易造成生物膜污染^[12]。获取管道后,收集管壁生物膜的方法主要分为超声波处理和擦拭管壁两种,对切割下来的水管进行超声波处理可较完整地

获取管道内壁的生物膜,但该方法只适用于管径较小的管道,对于管径较大的管道往往通过擦拭管壁来获取生物膜^[30]。对于擦拭方法,如果生物膜没有均匀地分布在水管表面,那么擦拭位置和面积的不同则可能会产生相当大的偏差。Liu等^[30]研究了实际管网管壁生物膜微生物群落的径向空间分布,发现微生物群落丰度从管道顶部到底部逐渐升高。目前还无法排除氯化给水管网管壁生物膜在短程上具有空间异质性的可能^[31],若这一假设成立,那将为代表性环境样品的获取、给水管网各个相中微生物群落的对比以及生物膜的监测、管理带来巨大挑战。

3.1.2 生物膜培养反应器取样

由于给水管网属于相对封闭的系统,从实际管网中收集生物膜样本存在一定的局限性。为此,科研人员已开发出各种生物膜培养反应器,如BAR (Biofilm Annular Reactor) 反应器、CDC (Centers for Disease Control) 反应器等,以期获取具有代表性的环境样品^[32]。这些反应器可安装于实验室,具有取样方便、操作简单和占地面积小等优点,然而,反应器内的水力条件与实际管道存在一定差异,这将人为改变生物膜的形成方式。此外,Aggarwal等^[32]的研究发现,不同时间节点放置在同一反应器内的取样片生成了相似的生物膜,一种假设是,材料表面被特异性生物膜覆盖后,长时间的共存会导致反应器内不同位置的生物膜相互影响,新取样片的表面会逐渐被附近的生物膜群落覆盖^[33]。若假设成立,通过重复取样获得的生物膜样品可能并不具备代表性,需要进一步考虑是否能将不同材质的取样片放置在同一反应器内,并研究管材对生物膜的影响,以及反应器中非实验材料表面形成的生物膜是否会影响实验结果的可靠性。

各种反应器之间的差异可能导致实验生成不易比较、不可复制的结果。此外,不同研究中反应器的运行时间从几天到几年不等^[32],形成的生物膜是否能够代表实际管网管壁生物膜尚存疑问。如Aggarwal等^[32]将CDC反应器中形成的生物膜与向反应器供水的给水管网管壁生物膜进行了比较,发现两者具有显著差异。

3.2 利用分子生物学技术获取有用信息

尽管当前分子生物学技术可以直接对给水管网各个相中的微生物群落进行表征,但如何有效挖

掘大量数据背后的生物学意义,并使其为给水管网生物稳定性控制策略的制定服务仍是科研工作者所面临的挑战。目前还不清楚微生物丰度的增加或群落组成的改变是否一定意味着生物稳定性的下降,这其中可能存在一个可接受的变化范围和程度^[1]。缺乏合理的指标与明确的指导值来描述和量化给水管网微生物丰度和群落组成的变化,且提出相应指标或指导值后,对于不同给水管网的适用性还需要进一步的验证。

近年来高通量测序技术被广泛用于微生物生态学研究,为全面解析管网微生物群落组成提供了可能,但该技术的分类学分辨率只能达到属水平,无法准确识别环境样本中的病原体,且不能提供微生物的功能信息^[8]。此外,该技术无法对活性微生物、非活性微生物和细胞外的DNA进行有效区分^[19]。

核心微生物群通常被定义为来自相似生境的微生物群落之间共享成员的集合。给水管网核心微生物群的确有助于揭示与致病菌生长、硝化作用发生和抗生素耐药性传播等关键过程密切相关的微生物种类,以更好地理解微生物群在给水管网生态系统中的功能。然而,目前的挑战在于如何利用分子生物学技术为给水管网定义一个属或种水平的核心微生物群^[8],并确定不同给水管网是否存在分类学意义上通用的核心微生物群。

4 结语

给水管网生物稳定性的研究依赖于学科交叉的理念和先进技术的支撑。利用不同的生物稳定性评价方法可以获得给水管网微生物生态学的相关信息,深入理解各种因素对管网各个相中微生物的影响有助于制定更有效的生物稳定性控制策略。在这个过程中,应充分考虑如何获取具有代表性的环境样品以及如何利用分子生物学技术获取有用信息。

4.1 不依赖培养的方法将取代传统培养方法

过去,生物稳定性评价指标均通过培养的方法来测定,虽然操作简单且成本低,但微生物培养耗时长,灵敏度较低。随着技术的进步,它们将逐渐被不依赖培养的方法所取代。此外,FCM技术、ATP测量和分子生物学技术能够直接评价给水管网的生物稳定性,未来应考虑如何降低这些技术的成本

以及实验操作和数据处理的难度,建立系统、可比较的取样和分析方法,实现对各个给水管网生物稳定性的快速、实时监测,并确立新的指标与明确的指导值,以识别生物稳定性的异常变化。没有一种方法能够提供关于管网微生物的所有信息,考虑到各评价方法自身的局限性,未来的研究应结合预测性评价方法和直接评价方法,对给水管网生物稳定性及其时空变化进行更广泛和更深入的预测和评价。

4.2 研究方法和内容的创新

过去对给水管网微生物群的研究主要是通过整合 16S rRNA 基因扩增子分析和环境元数据来调查“谁在那?在什么条件下?”。未来,基于宏基因组学、转录组学和蛋白质组学等的研究方法将会得到广泛应用。宏基因组学能够得到菌株水平的物种注释信息,并能将微生物群落多样性及其功能联系起来。转录组学是基于对微生物群落中的 mRNA 进行测序,以识别活跃表达的基因或通路。蛋白质组学是基于蛋白质表达来评估特定时间生态系统中微生物的活性,揭示不同环境中活跃代谢过程的有力工具。这些技术将解答“谁在做什么?不同微生物(如细菌、古菌、真菌、病毒和原生动物等)之间以及它们与环境之间的相互关系是什么?”等问题,使给水管网生物稳定性的研究从描述向理解转变。

为便于实验装置在实际管网中的应用,供水行业应尽可能地公开管道数据,且对于新建的城区,在管网的规划和设计上应有利于实验装置或其他新科技产品的原位应用,使管网原位采样和在线监测得以实现。同时,应继续强调对给水管网四个相的综合理解,揭示悬浮固体和管网沉积物对给水管网微生物生态学的贡献。未来,研究人员还应重点探索给水管网中 ARGs 的种内和种间的转移途径,了解饮用水消毒与 ARB 之间的关系,追踪能引起感染性疾病或在人体内定居的 ARGs 宿主细菌,并进行科学、有效的抗生素耐药性风险评估。此外,还应重视一些新型污染物对给水管网生物稳定性的影响,如微塑料能够为微生物提供附着表面或作为病原体传播的媒介。

4.3 建立统一的取样和分析标准

对于实际管网生物膜采样,有必要对管壁生物膜的径向空间分布进行更加广泛的调查,并详细描述擦拭位置和面积等采样细节。同时对多根管道

进行研究时,应对同一管道径向不同部位的生物膜以及不同管道相同部位的生物膜进行比较。若没有考虑清楚应该在何处、何时取样,以及如何避免样品在收集、运输和储存过程中被污染等问题,做出采样决定时将被迫“盲目行事”。对于实验装置研究,需要考虑应该用何种方式证明反应器中的生物膜与实际管网管壁生物膜具有相同的生长模式。在今后分子生物学技术的运用过程中,应降低 DNA 提取效率、胞外和死亡细胞 DNA、测序和数据分析过程中的偏差等对实验结论的负面影响。相信随着该领域研究的不断推进,在不久的将来会开发出相应的分析标准。

4.4 系统理解、预测和管理给水管网微生物群

从目前来看,彻底清除给水管网中的微生物是不切实际的,因为只要给水管网开始运行,微生物就会在管道表面附着,且随着时间的推移,微生物群落将不断进化并适应新的环境。因此,未来的研究重点在于如何理解、预测和管理给水管网微生物群,其前提是开发合理的模型,推断管网各个相中微生物群落的组成、功能、行为和影响。不依赖培养的技术对给水管网微生物的监测将有助于建立一个丰富的数据库,通过对大量数据的综合分析,确定给水管网不同相中的核心微生物群和微生物群落变化的可接受范围,进而定义一个“生物稳定”的给水管网微生物群。有效预测“生物不稳定”事件的发生,并利用影响因素研究所获取的相关知识,控制处理工艺、消毒策略和管网环境等,人为塑造给水管网微生物群,最终将那些对管道或消费者有害的微生物排除在管网之外,实现对给水管网生物稳定性的可持续管理。

参考文献:

- [1] PREST E I, FREDERIK H, VAN LOOSDRECHT M C M, *et al.* Biological stability of drinking water: controlling factors, methods, and challenges [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7:45.
- [2] ZHOU X Y, ZHANG K J, ZHANG T Q, *et al.* An ignored and potential source of taste and odor (T&O) issues-biofilms in drinking water distribution system [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2017, 101(9): 3537-3550.
- [3] LIU G, BAKKER G L, LI S, *et al.* Pyrosequencing

- reveals bacterial communities in unchlorinated drinking water distribution system: an integral study of bulk water, suspended solids, loose deposits, and pipe wall biofilm [J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, 48(10): 5467–5476.
- [4] LIU G, TAO Y, ZHANG Y, *et al.* Hotspots for selected metal elements and microbes accumulation and the corresponding water quality deterioration potential in an unchlorinated drinking water distribution system [J]. *Water Research*, 2017, 124: 435–445.
- [5] PERRIN Y, BOUCHON D, DELAFONT V, *et al.* Microbiome of drinking water: a full-scale spatio-temporal study to monitor water quality in the Paris distribution system [J]. *Water Research*, 2019, 149: 375–385.
- [6] ROCKEY N, BISCHEL H N, KOHN T, *et al.* The utility of flow cytometry for potable reuse [J]. *Current Opinion Biotechnology*, 2019, 57: 42–49.
- [7] LAUTENSCHLAGER K, HWANG C, LIU W T, *et al.* A microbiology-based multi-parametric approach towards assessing biological stability in drinking water distribution networks [J]. *Water Research*, 2013, 47(9): 3015–3025.
- [8] ZHANG Y, LIU W T. The application of molecular tools to study the drinking water microbiome—current understanding and future needs [J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2019, 49(13): 1188–1235.
- [9] RAHMATIKA I, KASUGA I, KURISU F, *et al.* Impacts of organic matter migrating from pipe materials on microbial regrowth in drinking water [J]. *Journal of Water and Environment Technology*, 2020, 18(1): 45–53.
- [10] CHEN J P, LI W Y, ZHANG J P, *et al.* Prevalence of antibiotic resistance genes in drinking water and biofilms: the correlation with the microbial community and opportunistic pathogens [J]. *Chemosphere*, 2020, 259: 127483.
- [11] ZHANG K J, PAN R J, ZHANG T Q, *et al.* A novel method: using an adenosine triphosphate (ATP) luminescence-based assay to rapidly assess the biological stability of drinking water [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2019, 103: 4269–4277.
- [12] DOUTERELO I, BOXALL J B, DEINES P, *et al.* Methodological approaches for studying the microbial ecology of drinking water distribution systems [J]. *Water Research*, 2014, 65: 134–156.
- [13] NAGYMÁTÉ Z, NEMES-BARNÁS K, KRETT G, *et al.* Assessing the microbial communities inhabiting drinking water networks and nitrifying enrichments with special respect on nitrifying microorganisms [J]. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica*, 2018, 65(3): 361–385.
- [14] SANTOS B D L, SCHROEDER J L, BLAKEMORE O, *et al.* The impact of sampling, PCR, and sequencing replication on discerning changes in drinking water bacterial community over diurnal time-scales [J]. *Water Research*, 2016, 90: 216–224.
- [15] DOUTERELO I, CALERO-PRECIADO C, SORIA-CARRASCO V, *et al.* Whole metagenome sequencing of chlorinated drinking water distribution systems [J]. *Environmental Science*, 2018, 4: 2080–2091.
- [16] SHI Y, BABATUNDE A, BOCKELMANN-EVANS B, *et al.* Influence of hydraulic regimes and $\text{Cl}_2/\text{NH}_3\text{-N}$ mass ratios on the bacterial structure and composition in an experimental flow cell chloraminated drinking water system [J]. *Environmental Science*, 2019, 5(5): 977–992.
- [17] DOUTERELO I, DUTILH B E, ARKHIPOVA K, *et al.* Microbial diversity, ecological networks and functional traits associated to materials used in drinking water distribution systems [J]. *Water Research*, 2020, 173: 115586.
- [18] MAKRIS K C, ANDRA S S, BOTSARIS G. Pipe scales and biofilms in drinking-water distribution systems: undermining finished water quality [J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2014, 44(13): 1477–1523.
- [19] LIU S, GUNAWAN C, BARRAUD N, *et al.* Understanding, monitoring and controlling biofilm growth in drinking water distribution systems [J]. *Environmental Science & Technology*, 2016, 50(17): 8954–8976.
- [20] DODD M C. Potential impacts of disinfection processes on elimination and deactivation of antibiotic resistance genes during water and wastewater treatment [J]. *Journal of Environmental Monitoring*, 2012, 14(7): 1754–1771.
- [21] CHAUKURA N, MARAIS S S, MOYO W, *et al.* Contemporary issues on the occurrence and removal of disinfection byproducts in drinking water—a review [J].

- Journal of Environmental Chemical Engineering, 2020, 8(2): 103659.
- [22] TAN Q W, LI W Y, ZHANG J P, *et al.* Presence, dissemination and removal of antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes in urban drinking water system: a review [J]. *Frontiers Environmental Science & Engineering*, 2019, 13(3): 11–25.
- [23] GUO X P, YANG Y, LU D P, *et al.* Biofilms as a sink for antibiotic resistance genes (ARGs) in the Yangtze Estuary [J]. *Water Research*, 2018, 129: 277–286.
- [24] ZHANG J, LI W, CHEN J, *et al.* Impact of biofilm formation and detachment on the transmission of bacterial antibiotic resistance in drinking water distribution systems [J]. *Chemosphere*, 2018, 203: 368–380.
- [25] 马骏,袁远,林应超,等. 日本自来水管网管理及风险控制[J]. *中国给水排水*, 2020, 36(20): 86–94.
MA Jun, YUAN Yuan, LIN Yingchao, *et al.* Management and risk control of water supply network in Japan [J]. *China Water & Wastewater*, 2020, 36(20): 86–94 (in Chinese).
- [26] KIRISITS M J, EMELKO M B, PINTO A J. Applying biotechnology for drinking water biofiltration: advancing science and practice [J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 2019, 57: 197–204.
- [27] WAGNER F B, NIELSEN P B, BOE-HANSEN R, *et al.* Copper deficiency can limit nitrification in biological rapid sand filters for drinking water production [J]. *Water Research*, 2016, 95: 280–288.
- [28] SHI P, JIA S Y, ZHANG X X, *et al.* Metagenomic insights into chlorination effects on microbial antibiotic resistance in drinking water [J]. *Water Research*, 2013, 47(1): 111–120.
- [29] ZLATANOVIC L, VAN DER HOEK J P, VREEBURG J H G. An experimental study on the influence of water stagnation and temperature change on water quality in a full-scale domestic drinking water system [J]. *Water Research*, 2017, 123: 761–772.
- [30] LIU G, ZHANG Y, LIU X L, *et al.* 360-degree distribution of biofilm quantity and community in an operational unchlorinated drinking water distribution pipe [J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(9): 5619–5628.
- [31] DOUTERELO I, JACKSON M, SOLOMON C, *et al.* Microbial analysis of in situ biofilm formation in drinking water distribution systems: implications for monitoring and control of drinking water quality [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 100(7): 3301–3311.
- [32] AGGARWAL S, GOMEZ-SMITH C K, JEON Y, *et al.* Effects of chloramine and coupon material on biofilm abundance and community composition in bench-scale simulated water distribution systems and comparison with full-scale water mains [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52(22): 13077–13088.
- [33] HENNE K, KAHLISCH L, BRETTAR I, *et al.* Analysis of structure and composition of bacterial core communities in mature drinking water biofilms and bulk water of a citywide network in Germany [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012, 78(10): 3530–3538.

作者简介:陈晓晨(1984-),男,福建福州人,博士,副教授,主要从事水污染及水体修复、水质保障研究工作。

E-mail: chenxiaochen@fzu.edu.cn

收稿日期:2020-12-08

修回日期:2021-01-05

(编辑:丁彩娟)

治理水土流失 建设美丽中国