

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2022.08.007

排水管道微生物群落对管道腐蚀的影响

袁艺鸣^{1,2,3}, 张广毅¹, 方宏远^{1,2,3,4}, 苏德志¹

(1. 郑州大学 水利科学与工程学院, 河南 郑州 450001; 2. 重大基础设施检测修复技术
国家地方联合工程实验室, 河南 郑州 450001; 3. 水利与交通基础设施安全防护河南省
协同创新中心, 河南 郑州 450001; 4. 南方工程检测修复技术研究院, 广东 惠州
516029)

摘要: 选取3条典型的腐蚀排水管道作为研究对象,通过对腐蚀区域的生物膜和污水进行采样,研究了排水管道系统微生物群落的分布特征和环境因素对生物多样性的影响,并通过16S rRNA分析了微生物群落的空间分布。研究表明,在3条排水管道中微生物群落分布具有一定的相似性,在门水平上,变形菌门(38.2%)、放线菌门(37.2%)在管道顶部腐蚀区域占据优势,而管底区域绿弯菌门(31.6%)、广古菌门(19.5%)占据优势;在属水平上,分枝杆菌(33.1%)在管道顶部腐蚀区域丰度最高,而甲烷丝菌(18.1%)在管底区域丰度最高。在典型相关分析中发现,pH为微生物群落的重要影响因素。不同的功能菌对管道的腐蚀影响强度不同,在各功能菌影响权重的计算中发现,管顶硫氧化细菌及管底硝酸盐还原菌占据较高的权重,分别为0.30和0.22。在管道微生物腐蚀评估中发现,管道开始段面临的微生物腐蚀风险较高。

关键词: 排水管道; 微生物群落; 腐蚀; 环境因子; 权重

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2022)08-0046-06

Influence of Microbial Community in Drainage Pipeline on Corrosion

YUAN Yi-ming^{1,2,3}, ZHANG Guang-yi¹, FANG Hong-yuan^{1,2,3,4}, SU De-zhi¹

(1. School of Water Conservancy and Engineering, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China; 2. National Local Joint Engineering Laboratory of Major Infrastructure Testing and Rehabilitation Technology, Zhengzhou 450001, China; 3. Henan Province Collaborative Innovation Center of Water Conservancy and Transportation Infrastructure Safety, Zhengzhou 450001, China; 4. Southern Engineering Inspection and Restoration Technology Research Institute, Huizhou 516029, China)

Abstract: Three typical sewer pipes were selected to study the influence of microbial community on the corrosion drainage pipeline. The distribution characteristics of microbial community and the impact of environmental factors on biological diversity were studied by sampling the biofilm and sewage in pipes. The structure of microbial community in spatial distribution was analyzed by 16S rRNA gene amplicon sequencing (Illumina). The distribution of microbial communities in different pipes had a certain

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(51978630、21806145); 河南省高校科技创新人才支持计划项目(19HASTIT043);
广东省引进创新创业团队项目(2016ZT06N340)

通信作者: 张广毅 E-mail: zhanggy@zzu.edu.cn

similarity. In the phylum level, *Proteobacteria* (38.2%) and *Actinobacteria* (37.2%) dominated at the upper part of the pipes as well as *Chloroflexi* (31.6%) and *Euryarchaeota* (19.5%) dominated at the bottom part of the pipes. In the genus level, *Mycobacterium* (33.1%) at the upper part and *Methanothrix* (18.1%) at the bottom part had the highest abundance. Canonical correspondence analysis found that pH was the important factor affecting the microbial community. Different functional bacteria have different effects on pipeline corrosion. In the calculation of the weight of functional bacteria, sulfur-oxidizing bacteria at the upper part and nitrate-reducing bacteria at the bottom part had higher weights, which were 0.30 and 0.22, respectively. It was found by the microbial corrosion assessment that the risk of microbial concrete corrosion of pipe beginning part was higher.

Key words: sewer pipes; microbial community; corrosion; environmental factors; weight

城市排水管道的建设,实现了城市污水高效、安全、经济的收集和输送。目前,我国的排水管道以混凝土材质为主,气态硫化氢氧化产生的生物硫酸是造成混凝土腐蚀的主要因素^[1-3]。研究显示,微生物引起的混凝土腐蚀可以将50~100年的管道寿命减少为10年^[4]。管道内基质浓度高,且长距离的污水运输会营造厌氧-好氧交替的内部环境,同时使得水力停留时间变长,促进管道内生物代谢及有机物的分解,造成管道腐蚀、污水泄漏等严重问题^[5]。因此,有必要开展排水系统微生物群落研究。

目前,主要针对污水厂的微生物群落结构^[6-7]以及硫代谢相关的功能细菌^[8]进行研究,并且多为实验室规模反应器模拟^[9-11]或原位放置试块采集样本^[12],针对城市区域给排水管道的微生物群落研究较少。由于实际污水管道复杂多变的水力条件导致复杂的生化反应,而一些实地研究主要集中在我国南方城市^[13-14],针对中原地区的管网微生物研究较少。同时,以往针对排水管道的腐蚀风险评估通常未考虑微生物因素^[15-16]。为此,选取了郑州市3条排水管道开展研究,采集实际排水管道内不同位置的微生物样品,探究管道内部不同空间的微生物群落分布;同时监测管道内部各环境因素条件,揭示影响微生物群落分布的关键环境因子;针对复杂的微生物群落结构,通过权重计算,找出管道腐蚀的主要功能微生物类别,并对排水管道的腐蚀风险进行评估。

1 材料与方法

1.1 研究地点和样本采集

选取位于河南省郑州市的3段代表性道路排水管道为样本点,于2020年8月进行采样,按照使用

年限由长至短分别命名为A、B、C,每条道路选择3个检查井(道路的起点、中间和终点)。对于每个检查井,采集污水水样,并在管顶(UP)、侧壁(MP)和管底(BP)采取污泥样进行分析。使用管道潜望镜拍摄管道腐蚀情况。

1.2 环境参数的监测

使用气体检测仪(BH-4A)检测H₂S浓度。通过水质分析仪(WTW Multi 3630 IDS)测试污水温度(*T*)、pH、氧化还原电位(ORP)、电导率(Cond)和溶解氧(DO)。采用重铬酸钾法测定COD浓度、水杨酸分光光度法测定NH₃-N浓度、过硫酸钾氧化紫外分光光度法测定TN浓度、钼锑抗分光光度法测定TP浓度、离子色谱法(ICS-900, 4 mm×250 mm柱, DIONEX)测定SO₄²⁻浓度。

1.3 DNA提取、PCR扩增和测序分析

使用Mag-Bind Soil DNA试剂盒从生物样品中提取DNA。使用341F(CCTACGGGNGGCWGCAG)和805F(GACTACHVGGGTATTCTAATCC)对16S rRNA基因的V3-V4区进行扩增。PCR程序^[17]在200 μL无菌PCR管中通过两轮扩增进行。Illumina HiSeq测序(HiSeq 2500, Illumina)由中国生工生物技术(上海)有限公司进行测定,基于RDP 16S数据库进行序列分析。

2 结果与分析

2.1 样本水质情况

样本点的水质情况如表1所示。由表1可知,管段内水体DO为0.16~1.20 mg/L,管段A和C水体DO浓度低于管段B,推测新鲜污水流至主干管内需要较长时间,导致水体DO浓度有所降低。污水pH为7.50~8.39,基本呈弱碱性。COD、TN和TP

浓度较高,表明污水具有较高的营养水平。污水中的硫酸根浓度处于 29.47~38.41 mg/L 之间,污水

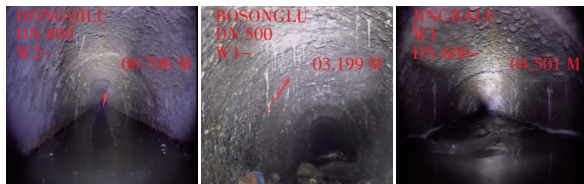
中可能存在活跃的硫循环代谢,导致管道腐蚀及恶臭问题,危害管网安全运行。

表1 样本点的水质情况

Tab.1 Sewage characteristic of samples

样本点	pH	$T/^{\circ}\text{C}$	ORP/mV	Cond/ ($\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$)	DO/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	COD/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	$\text{NH}_3\text{-N}/$ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	TN/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	TP/ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)	$\text{SO}_4^{2-}/$ ($\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$)
A1	7.94	27.6	-269.2	1 168	0.42	1 300	68	192	37	29.47
A2	7.71	27.1	-272.5	1 145	0.16	1 910	99	243	16	38.41
A3	7.98	27.3	-241.9	1 083	0.31	2 400	53	160	42	37.41
B1	8.39	26.8	-286.5	1 181	0.46	540	68	186	38	32.78
B2	7.60	27.2	-214.1	1 146	0.68	500	52	199	59	35.16
B3	7.82	25.3	-216.2	967	1.20	400	45	109	65	35.44
C1	7.54	27.4	-265.6	1 009	0.23	284	45	158	35	31.91
C2	7.57	26.8	-262.5	991	0.23	200	36	149	43	34.22
C3	7.50	27.2	-246.4	962	0.16	700	51	179	23	31.08

利用管道潜望镜观察管道腐蚀情况,发现不同使用寿命的管道都有严重的腐蚀现象,典型位点管道腐蚀见图1。根据《城镇排水管道检测与评估技术规程》(CJJ 181—2012),计算各个采样点的修复指数(见表2)。修复指数越大,意味着管道需要更加急迫的修复措施。



a. A2 b. B1 c. C1

图1 部分排水管道的潜望镜检测结果

Fig.1 Quick video for partial drainage pipelines

表2 样本点的修复指数

Tab.2 Rehabilitation index of samples

样本点	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3
修复指数	5.0	9.5	9.5	5.0	5.0	9.5	5.0	5.0	5.0

2.2 管道内不同空间位置的微生物群落分布

从9个检查井采集的27个样品,根据OTU代表序列观察到42个门和803个属。由于污水水位的变化,管道侧壁处于“潮汐”区,管道侧壁的样品与管顶或管底样品接近,因此重点分析管顶与管底的微生物群落分布。

在门水平上,*Proteobacteria*(变形菌门)和*Actinobacteria*(放线菌门)在管顶微生物中占据优势,平均丰度分别为38.2%和37.2%。*Chloroflexi*(绿弯菌门)和*Euryarchaeota*(广古菌门)在管底微生

物中含量较高,平均占比分别为31.6%和19.5%。其中,在管道顶部,*Proteobacteria*在A3、B1及C1样本中相对丰度均达到60%以上,*Actinobacteria*在C2样本中的相对丰度接近90%,在B3、A2中均达到60%以上,说明变形菌门和放线菌门在管顶具有较强的生存能力。*Proteobacteria*包含顶部SOB(sulfur-oxidizing bacteria,硫氧化细菌)、*Acidiphilium*(嗜酸菌)、*Acidithiobacillus*(嗜酸硫杆菌)等,SOB及嗜酸菌的增多意味着管道顶部pH较低,腐蚀风险较大。属水平上,管顶丰度最高的为*Mycobacterium*(分枝杆菌),平均相对丰度达33.1%。该菌耐酸,属于*Actinobacteria*,能够氧化硫化物,同时能够通过清除抑制SOB的有机化合物^[18],加剧微生物对管道的腐蚀。

在管道底部,各个样本中*Chloroflexi*含量为22.5%~39.4%,说明*Chloroflexi*在不同管道内的生存能力相似。*Chloroflexi*中最丰富的属是*Longilinea*(长绳菌属),是一种专性厌氧菌,能够发酵碳水化合物并产生挥发性脂肪酸。*Chloroflexi*丰度较高说明管道有机物的迁移转化极易实现。管段B中*Euryarchaeota*丰度为20.7%~35.1%,高于其他管段。*Euryarchaeota*通常包含与产甲烷相关的微生物,其中管底丰度最高(18.1%)的是*Methanotrix*(甲烷丝菌),说明管段B中有甲烷积累的风险。这些厌氧菌的存在说明管道底部具有良好的厌氧环境,能够为SRB(sulfate-reducing bacteria,硫酸盐还原菌)提供良好的 H_2S 生成环境。

图2为管顶及管底丰度前5名的属(除未分类

细菌及其他细菌外)。管底微生物群落以厌氧菌为主,属间种类相似可能是由于管底沉积物具有稳定性,其中微生物代谢主要是硫酸盐还原、产甲烷和发酵。好氧细菌主要分布在管顶,如 *Acidiphilium* (嗜酸菌)、*Acidithiobacillus* (嗜酸硫杆菌)、*Thiomonas* (硫单胞菌),且在A、B、C管顶微生物群落中的平均丰度分别为31.0%、9.5%和9.0%。由此可以推测,排水管道前期的菌落结构会发生变化,后期菌落结构基本稳定。

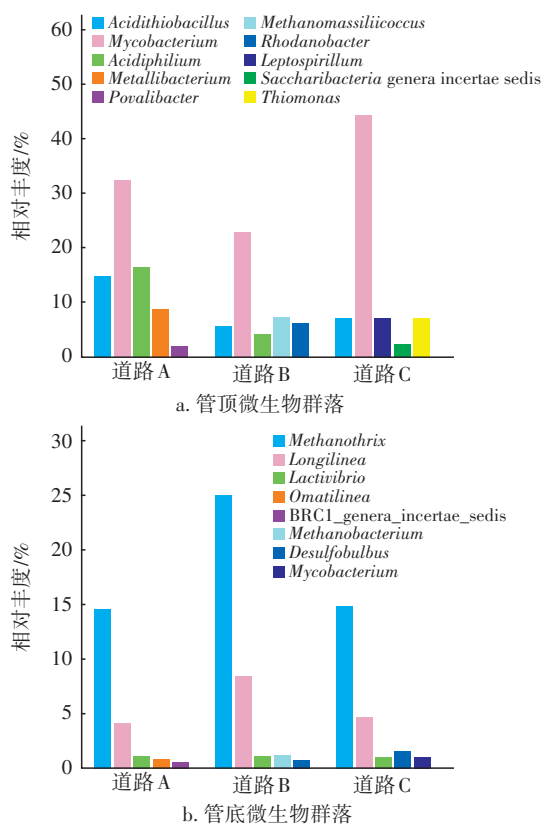


图2 属水平前5名微生物群落的组成

Fig.2 Top five bacteria at genera-level in sewer biofilms

利用FAPROTAX预测生物膜的功能,与腐蚀相关的功能菌为SRB、NRB(Nitrate-reducing bacteria,硝酸盐还原菌)、FB(Fermentation bacteria,发酵菌)、MA(Methanogenic archaea,产甲烷古菌)、NB(Nitrifying bacteria,硝化菌)和SOB^[19]。这些功能菌在A、B、C路段的平均比例分别为14.7%、20.4%和18.2%。管顶功能菌平均比例为5.3%,侧壁为3.4%,管底为8.9%。分析表明,MA、SRB及SOB在所有菌属中占据较大比例。管底MA的含量平均为7.2%~34.0%,管段B中MA的丰度较高,B1、B2及B3管底的MA占比分别为22.0%、34.0%及20.0%,MA的

大量存在意味着管道内部存在甲烷气体积累的风险。在所有样本中,SRB的丰度占1.3%~9.2%,SRB的代谢会产生H₂S,为顶部SOB提供H₂S底物。管底SRB与MA会形成竞争关系,二者都可以利用硫化物为电子受体竞争有机底物。污水水质监测发现样本COD/SO₄²⁻>6.08,此时MA会在竞争中占据优势^[20],导致管道内MA的数量大于SRB。管底FB相对丰度为2.0%~5.9%,能够将大分子有机物转化为小分子物质,为微生物的代谢提供底物。管顶的SOB及NB会代谢生成硫酸和硝酸,加剧混凝土管道的腐蚀。

2.3 环境因子与微生物群落的相关性分析

采用典型相关分析(CCA)表征与微生物群落特征相关的环境参数,结果见图3。

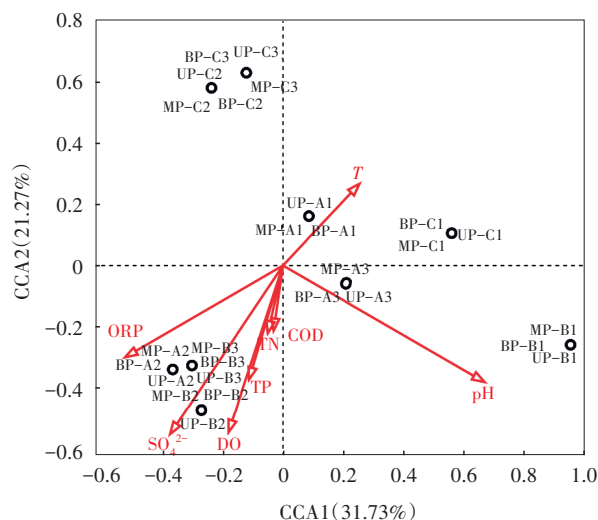


图3 环境因素与微生物群落的CCA

Fig.3 CCA of the relationship between environmental parameters and microbial community

CCA分析发现在OTU水平上环境因子解释率为33.4%,其中pH(6%, $p<0.1$)是影响微生物群落分布的主要环境因素。水体pH是影响微生物群落的重要指标,申屠华斌等^[13]研究发现,pH与管道内 *Flavobacteriia* (黄杆菌纲)及 *Acidobacteria* (酸杆菌门)呈显著正相关,与 *Betaproteobacteria* (β -变形菌纲)及 *Actinobacteria* (放线菌纲)呈显著负相关。通常,SRB和MA生存的适宜pH为7.0~7.5,但SRB可以在酸性环境(pH<6.0)下生存,而MA却在酸性环境下失活。管底SRB的代谢活动不断产生硫化物,降低水体pH,抑制甲烷的产生,因此,通过控制水体pH能够有效缓解甲烷气体的积累。

2.4 微生物对混凝土腐蚀的评价

基于FAPROTAX预测微生物功能细菌的相对丰度,对各个功能菌进行无量纲化处理,并采用熵权法对其在微生物腐蚀中所占权重进行分析,结果见表3。由表3可知,管底微生物的功能细菌所占权重较高,达到0.52,说明在由微生物造成的管道腐蚀中,应当更加关注管底的微生物群落。在不同种类的功能细菌中,管顶的SOB及管底的NRB占据较高的权重。SOB能够产生硫酸直接腐蚀管道,对管道腐蚀具有重要的影响。管道内部具有活跃的氮循环,管道底部的NRB是一种兼性厌氧细菌,顶部的NB属于好氧细菌,好氧硝化反应同样可以降低pH,造成管道的腐蚀。

表3 与腐蚀相关的功能细菌权重

Tab.3 Weight of functional bacteria related corrosion

空间位置	第一层权重	功能细菌	第二层权重	总权重
管顶	0.48	SOB	0.64	0.30
		NB	0.36	0.17
管底	0.52	SRB	0.14	0.08
		FB	0.25	0.13
		MA	0.18	0.10
		NRB	0.43	0.22

基于各种功能细菌在腐蚀中的比例,将管道内部不同空间位置处功能细菌的权重与相应功能细菌的相对丰度相乘,得出不同样本点的功能菌加权得分,用于评价管道受微生物腐蚀的风险,数值越大说明管道受微生物腐蚀的风险越大。对于各个管道的微生物腐蚀情况进行了评估,结果见图4。

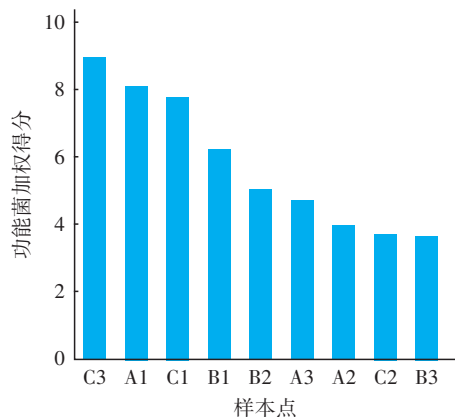


图4 管道微生物腐蚀评估

Fig.4 Assessment of microbial corrosion in sewer pipes

由图4可知,C3样本中的微生物腐蚀最严重,SOB及NRB丰度并未显著高于其他样本,但管顶

Mycobacterium 丰度显著高于其他样本,这也证实了 *Mycobacterium* 能够促进硫酸盐氧化,加剧管道的腐蚀。A1、B1及C1的得分较高,推测管道开始段面临较高的微生物腐蚀风险,而中段及后段面临的微生物腐蚀风险较低。由于微生物群落相对稳定,在长时间的运行后,由微生物造成的腐蚀并未发现随使用年限的增长而明显增加的趋势。

3 结论

在排水管道空间分布上,管顶 *Proteobacteria* 和 *Actinobacteria*,管底 *Chloroflexi* 和 *Euryarchaeota* 在微生物群落中占优势。在属水平上,管顶 *Mycobacterium* 和管底 *Methanotrix* 的丰度较高。在各种污水水质指标中,pH为微生物群落的重要影响因素。采用熵权法计算功能菌在微生物腐蚀中的权重,发现管底微生物的功能细菌所占权重高于管顶,SOB和NRB在各功能菌中所占权重较高,分别为0.30和0.22。管道C3、A1及C1的微生物腐蚀风险较高,推测管道初始段面临更高的微生物腐蚀风险。

参考文献:

- [1] GRENGG C, MITTERMAYR F, KORAIMANN G, et al. The decisive role of acidophilic bacteria in concrete sewer networks: a new model for fast progressing microbial concrete corrosion [J]. Cement & Concrete Research, 2017, 101: 93-101.
 - [2] PARKER C D. Species of sulphur bacteria associated with the corrosion of concrete [J]. Nature, 1947, 159: 439-440.
 - [3] LIU Y Q, SONG Y R, KELLER J, et al. Prediction of concrete corrosion in sewers with hybrid Gaussian processes regression model [J]. RSC Advances, 2017, 7 (49): 30894-30903.
 - [4] LING A L, ROBERTSON C E, HARRIS J K, et al. High-resolution microbial community succession of microbially induced concrete corrosion in working sanitary manholes [J]. PLoS One, 2015, 10 (3): e116400.
 - [5] 陈珂莉,李朋,金伟,等. 排水管道沉积物中胞外聚合物的提取及检测方法研究 [J]. 中国给水排水, 2018, 34(7): 32-36.
- CHEN Keli, LI Peng, JIN Wei, et al. Extraction and detection method of extracellular polymeric substances (EPS) in sediment of sewage system [J]. China Water & Wastewater, 2018, 34 (7): 32-36 (in Chinese).

- [6] CHEN L, JIA R B, LI L. Bacterial community of iron tubercles from a drinking water distribution system and its occurrence in stagnant tap water[J]. *Environmental Science Processes & Impacts*, 2013, 15(7): 1332–1340.
- [7] SHAMSAEI H, JAAFAR I O, BASRI N E A. Effects velocity changes on the water quality in water distribution systems[J]. *Research Journal of Applied Sciences Engineering and Technology*, 2013, 5(14): 3783–3790.
- [8] 姜晓东,余凯华,鲍月全,等. 大口径合流污水管道硫酸腐蚀影响的初步分析[J]. *净水技术*, 2016, 35(6): 37–44.
JIANG Xiaodong, YU Kaihua, BAO Yuequan, *et al.* Preliminary analysis of effect of sulfur corrosion on large diameter combined sewage pipes[J]. *Water Purification Technology*, 2016, 35(6): 37–44 (in Chinese).
- [9] ZAN F X, GUO G, ZHENG T L, *et al.* Biofilm development in a pilot-scale gravity sewer: physical characteristics, microstructure, and microbial communities[J]. *Environmental Research*, 2021, 195: 110838.
- [10] LI W K, ZHENG T L, MA Y Q, *et al.* Influences of flow conditions on bacterial communities in sewage and greywater small diameter gravity sewer biofilms [J]. *Environmental Research*, 2020, 183: 109289.
- [11] RONG H, ZHANG S Q, MA G W, *et al.* Formation, growth and corrosion effect of sulfur oxidizing bacteria biofilm on mortar [J]. *Construction and Building Materials*, 2020, 268: 121218.
- [12] GRENG G C, MITTERMAY R F, BALDERMAN N A, *et al.* Microbiologically induced concrete corrosion: a case study from a combined sewer network[J]. *Cement and Concrete Research*, 2015, 77: 16–25.
- [13] 申屠华斌,张逸夫,钱栋,等. 实际重力流排水管道中微生物群落对管道的腐蚀影响[J]. *中国环境科学*, 2018, 38(11): 4284–4288.
SHENTU Huabin, ZHANG Yifu, QIAN Dong, *et al.* Effect of microbial community on pipe corrosion in the actual gravity flow drainage pipe [J]. *China Environmental Science*, 2018, 38(11): 4284–4288 (in Chinese).
- [14] 艾海男,张青,何强,等. 重力流排水管道内流态对生物膜菌落结构的影响[J]. *环境工程学报*, 2017, 11(5): 2845–2850.
AI Hainan, ZHANG Qing, HE Qiang, *et al.* Impact of flow pattern of drainage pipe on structure of biofilm colonies [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2017, 11(5): 2845–2850 (in Chinese).
- [15] ANBARI M J, TABESH M, ROOZBAHANI A. Risk assessment model to prioritize sewer pipes inspection in wastewater collection networks [J]. *Journal of Environmental Management*, 2017, 190: 91–101.
- [16] ZHOU R, FANG W P, WU J S. A risk assessment model of a sewer pipeline in an underground utility tunnel based on a Bayesian network[J]. *Tunnelling and Underground Space Technology*, 2020, 103: 103473.
- [17] LU Y Z, DING Z W, DING J, *et al.* Design and evaluation of universal 16S rRNA gene primers for high-throughput sequencing to simultaneously detect DAMO microbes and anammox bacteria [J]. *Water Research*, 2015, 87: 385–394.
- [18] CAYFORD B I, JIANG G M, KELLER J, *et al.* Comparison of microbial communities across sections of a corroding sewer pipe and the effects of wastewater flooding[J]. *Biofouling*, 2017, 33(9): 1–13.
- [19] LI W K, ZHENG T L, MA Y Q, *et al.* Current status and future prospects of sewer biofilms: their structure, influencing factors, and substance transformations [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 695: 133815.
- [20] HAO T W, XIANG P Y, MACKEY H R, *et al.* A review of biological sulfate conversions in wastewater treatment[J]. *Water Research*, 2014, 65: 1–21.

作者简介:袁艺鸣(1994–),女,河南郑州人,博士研究生,主要研究方向为排水管道微生物腐蚀及防护。

E-mail:yuanym12@163.com

收稿日期:2021-11-09

修回日期:2021-11-29

(编辑:丁彩娟)