

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2025.17.013

# 供水系统全流程微生物群落分布特征及时空变化

费杰<sup>1</sup>, 毛慧<sup>1</sup>, 王亚超<sup>1</sup>, 刘若宇<sup>2</sup>, 侯兴<sup>2</sup>, 李轶<sup>2</sup>,  
张文龙<sup>2</sup>

(1. 宁波市水务环境集团有限公司, 浙江 宁波 315000; 2. 河海大学 环境学院, 江苏 南京 210098)

**摘要:** 水质差异和微生物菌群的复杂性关联着供水系统的水质安全,深入研究供水系统中从水源到水龙头的微生物群落特征,对降低水传播疾病的风险、保障饮用水水质安全至关重要。为此,以多水源多水厂供水系统为例,采用16S rRNA测序技术和多元统计分析方法,系统分析了供水系统中微生物群落的时空分布、组装过程以及对环境变量的响应。结果表明,多水源水经不同水厂处理后,TOC去除率可达73.3%~85.7%,夏季效果逊于春季,且源头到龙头微生物多样性逐级降低。供水系统全流程中的微生物Shannon指数在夏季比春季高8.5%~19.8%,群落内竞争协同作用更复杂,但不同季节、不同处理阶段的微生物组装机制均由确定性过程主导。致病菌与耐氯菌在供水系统中的分布与存活状态受理化指标的影响,春季时TOC为关键因素,夏季时DO与余氯成为更为关键的调控因子。

**关键词:** 饮用水; 多水源供水系统; 微生物群落; 基因测序; 环境因子

**中图分类号:** TU991 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2025)17-0090-09

## Distribution Characteristics and Spatiotemporal Variation of Microbial Communities throughout Entire Water Supply System

FEI Jie<sup>1</sup>, MAO Hui<sup>1</sup>, WANG Ya-chao<sup>1</sup>, LIU Ruo-yu<sup>2</sup>, HOU Xing<sup>2</sup>, LI Yi<sup>2</sup>,  
ZHANG Wen-long<sup>2</sup>

(1. Ningbo Water & Environment Group Co. Ltd., Ningbo 315000, China; 2. College of Environment, Hohai University, Nanjing 210098, China)

**Abstract:** Water quality variation and the complexity of microbial communities are closely associated with the safety of water supply system (WSS). A comprehensive understanding of microbial community dynamics from the source water to the tap water is critical for mitigating the risk of waterborne diseases and ensuring the safety and quality of drinking water. The 16S rRNA sequencing technique, together with multivariate statistical analysis methods, was employed to systematically investigate the spatiotemporal distribution patterns, assembly mechanisms, and response to environmental variables of the microbial communities within a multi-source and multi-waterworks WSS. After undergoing treatment at various waterworks, the total organic carbon (TOC) removal efficiency of multi-source water ranged from 73.3% to 85.7%. The treatment effectiveness tended to be lower in summer compared to spring, and microbial diversity showed a gradual decline from the source water to tap water. The Shannon index of

通信作者: 张文龙 E-mail: 1223zhangwenlong@163.com

microorganisms throughout the entire WSS was observed to be 8.5% to 19.8% higher during summer compared to spring. The interactions within the microbial community, including both competitive and cooperative effects, exhibited increased complexity. However, the microbial assembly mechanisms across different seasons and treatment stages were predominantly governed by deterministic processes. The distribution and survival of pathogenic and chlorine-tolerant bacteria within the WSS were influenced by physicochemical indicators. In spring, TOC emerged as a significant factor, whereas in summer, dissolved oxygen (DO) and residual chlorine played more critical regulatory roles.

**Key words:** drinking water; multi-source water supply system; microbial community; gene sequencing; environmental factor

随着城镇化的高速增长以及人口的不断扩增,城市水资源供给与需求的矛盾日渐尖锐,严重影响城市的可持续性发展。为解决“缺水之困”,各地纷纷推行多水源供水新体系。然而,多水源供水系统在进行供水调度或水源切换时,由于流速、流向等水力条件发生变化,可能会导致管道内部水体受到扰动,打破原本管网内壁与水体形成的化学平衡<sup>[1]</sup>。失衡的状态会引发污染物的释放,使浊度、色度、铁和锰浓度等水质参数出现超标,严重时还会出现“黄水”现象<sup>[2]</sup>,严重影响用水安全。

饮用水生物安全是确保水质安全的基本要求。在多水源供水体系中,不同水源之间的水质差异会导致微生物群落的多样性增加,这不仅会增加微生物种类的丰富度,还可能会引入一些细菌、水生病原体等<sup>[3]</sup>。此外,不同水源中存在不同类型和浓度的溶解性有机物,这些物质为微生物提供了生长和繁殖的营养基础,甚至会促进致病菌的生长<sup>[4]</sup>。某些微生物还可能产生酸性物质,加速金属管道和设备的腐蚀<sup>[5]</sup>,直接影响饮用水的生物安全性。现有的饮用水处理工艺,特别是消毒步骤,虽然能够在一定程度上限制水质波动对自来水的影响<sup>[2-3,6]</sup>,但并不能完全消除水中的有害物质。因此,保障饮用水生物安全依赖于充分的水源保护、高效的水处理流程和完善的配水系统。在这样的背景下,深入研究供水系统中从源头到龙头的微生物群落显得尤为重要。

然而,目前针对供水系统全流程中微生物的研究仍不充分。近年来,随着16S rRNA测序技术的不断发展和应用,研究者在微生物生态学领域取得了显著进展。现有研究主要集中在传统的单水源供水系统<sup>[7]</sup>或特定环节的微生物生态,比如管道材

料、生物膜<sup>[3]</sup>和消毒副产物<sup>[8]</sup>的影响。对于多水源多水厂供水系统整体微生物群落的生态组装过程、不同环境下的微生物互利与竞争机制,以及微生物与环境因子的复杂关系等问题缺乏系统性的探索。鉴于此,笔者以南方某市多水源供水系统为例,使用高通量测序和多元统计分析方法,系统地研究了多水源供水系统中从源头到龙头春夏两季的微生物群落时空分布、组装过程及其对环境变量的响应,以期为保障饮用水的生物安全性、水资源的可持续利用和城市水环境保护提供重要的科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集及理化性质检测

2022年8月(夏季)和2023年5月(春季)在南方某市供水系统全流程开展了两次采样活动。该系统集成了来自4处不同水库的水源,并通过3座水厂协同作业进行原水处理,最终水厂出水进入到供水环网中交汇并混合。其中,水厂A以水库1和水库2为水源,水厂B、C分别以水库3、4为水源。通过管道将原水自水库输送到3座水厂,各水厂主要采用“混合-絮凝-沉淀-过滤-消毒”净水工艺,净水构筑物主要为折板絮凝池、平流沉淀池和V型砂滤池或超滤池,采用氯消毒。根据各水厂的水处理工艺流程情况,在关键处理工艺出水处布设采样点。各水厂出水汇入城市供水环网统一调配。对于配水环网(DN-A)和支网(DN-B),在关键区域(如管道交叉口和管段中间)进行取样。

水源样本的采集:使用不锈钢采水器,在每个采样点采集3 L水样,并将其保存在无菌的聚氯乙烯塑料瓶中。原水管道和配水管道的样本采集:在管道排气阀龙头处打开阀门排水约5 min,待水质稳定后,使用无菌的聚氯乙烯塑料瓶采集5 L水样。

针对各水厂处理工艺的具体情况,使用不锈钢采水器在反应池中采集水样,或直接在对应工艺的水龙头处采集3~5 L水样,并存储于无菌的聚氯乙烯塑料瓶中。共设置37个采样点,其中水库设置4个(WR1~WR4),原水管道设置5个(RP1~RP5),3座水厂设置15个(TP-A1~TP-A4、TP-B1~TP-B5、TP-C1~TP-C6),供水管道设置13个(DN-A1~DN-A7、DN-B1~DN-B6),采集后立即将样品送至实验室,并在48 h内进行检测。

采用pH计测定酸碱度,便携式溶氧仪测定溶解氧(DO),便携式电导率仪测定电导率,便携式浊度仪测定浊度,非色散红外吸收法测定总有机碳(TOC),流动分析仪测定高锰酸盐指数(COD<sub>Mn</sub>)、氨氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)、亚硝态氮(NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N),哈希余氯测试仪器检测余氯。

## 1.2 DNA提取、PCR扩增及高通量测序

选用Fast DNA Spin kit for soil土壤基因组DNA提取试剂盒(MP Biomedicals公司),按照试剂盒说明书从水样滤膜中提取总DNA。所提DNA样品取3 μL进行2%(W/V)琼脂糖凝胶电泳检测。采用引物341F和806R对细菌16S rRNA基因V3-V4区进行PCR扩增。PCR反应体系按照TransStart Fastpfu DNA聚合酶的标准条件准备,采用PCR仪进行扩增。扩增体系总体积为20 μL,包括4 μL 5×FastPfu Buffer、2 μL 2.5 mmol/L dNTPs、0.8 μL forward引物(5 mmol/L)、0.8 μL reverse引物(5 mmol/L)、0.4 μL FastPfu聚合酶、10 ng template DNA,并用ddH<sub>2</sub>O补充至20 μL。PCR反应条件为:95℃预热5 min,随后进行27个循环(95℃变性30 s,55℃复性30 s,72℃延伸345 s),最后72℃延伸10 min,10℃保存直到停止。

测序后得到的原始序列数据采用QIIME v1.9.1进行质量过滤、拼接、去除嵌合体处理,得到Fasta文件。使用UCLUST聚类方法,基于序列相似性97%的阈值进行操作分类单元(OTU)聚类。而后在每一操作分类单元的所有序列中,选取一条作为代表序列(默认采用丰度最多的序列),采用RDP classifier对其进行物种分类比对,分类阈值默认设置为0.8,将每个OTU代表序列使用Silva v128参考数据库进行比对安排微生物分类,并分别统计各个分类水平(门、纲、目、科、属、种)下的群落组成,用于后续的数据分析。

## 1.3 致病菌、耐药菌与优势菌的筛选

致病菌的筛选遵循国家卫生健康委员会权威发布的《人间传染的病原微生物库》清单,耐氯菌的筛选参考Luo等人<sup>[9]</sup>有关耐氯菌评价方法的综述,两者均在种水平上进行筛选,但为方便对比,在属水平上进行分析。优势菌被定义为供水环网中相对丰度占据前十的微生物属。

## 1.4 微生物群落组装过程

使用零模型进行相关计算<sup>[10]</sup>,探究确定性过程(同质选择和异质选择)和随机过程(均质扩散、扩散限制和生态漂移)对微生物群落相对重要性的变化,根据采样季节(春季和夏季)将该供水系统的样本分为两个子集,对两季的组装过程中不同的生态过程进行量化。最近分类单元指数(NTI)用于评估群落内的系统发育群落构建,高值或正值代表整个系统发育中分类单元的过度聚集,而低值或负值则表明整个系统发育中分类单元的过度分散<sup>[11]</sup>。负βNTI表明样本在系统发育上比预期的更相似,而正βNTI表明它们在系统发育上比偶然预期的更远。βNTI≥2和βNTI≤-2分别表示异质选择和同质选择,均表示确定性过程。|βNTI|<2的比较由Bray-Curtis(BC)的Raup-Crick(RC<sub>bray</sub>)进一步估计。RC<sub>bray</sub>的值为BC<sub>obs</sub>和BC<sub>null</sub>之间的随机预期偏差大小。生态漂移的影响估计为|RC<sub>bray</sub>|≤0.95。此外,RC<sub>bray</sub>>0.95和RC<sub>bray</sub><-0.95分别表示扩散限制和均质化扩散。具体的计算方法参考前人的研究<sup>[12-13]</sup>。

## 1.5 生物信息学统计分析

基于微生物群落的Bray-Curtis差异距离,使用R语言(v. 4.2.3)中Vegan包的diversity函数计算微生物的alpha多样性(包括Chao1、Shannon、Pielou、Goods coverage),反映微生物群落数量、丰富度、多样性、分布情况等信息,其中Chao1能够用来评估物种的丰富度,Shannon、Pielou体现不同时间和空间的生物多样性和均匀性,Goods coverage可量化已观察到的物种或OTU的覆盖情况。

采用ANOVA方差分析和非度量多维尺度(NMDS, Bray-Curtis距离)排序计算不同流程下微生物群落结构及不同样本间的异质性。为了识别影响微生物组成的关键环境因子,使用R语言中的Vegan包进行Mantel检验,比对基于Bray-Curtis距离的OTU矩阵和基于欧氏距离的环境变量矩阵,并计算二者间的相关性,检验饮用水中微生物群落与

理化因子的关系,识别春夏两季的主导环境因素。

2 结果与讨论

2.1 理化性质的空间及季节性变化

对南方某市中心城区供水系统各环节水样的理化指标进行了检测分析,结果见表1(数据为均值),水质指标呈现明显的空间和季节性变化。在空间上,pH在全流程中基本保持在7.0~8.0之间,呈弱碱性;DO和电导率从源头到龙头分别增长了约14%和22%,DO的增大缘于水处理过程中曝气

和水流搅动的促进作用<sup>[10]</sup>,而电导率的增大则可能是管道材料溶解腐蚀、添加化学物质、与周围环境离子交换等所致;浊度、TOC、COD<sub>Mn</sub>、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N和NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N从源头到龙头呈逐级递减的趋势,分别降低了约82%、85%、50%、73%、73%。尽管不同的水源水质差异较大,但经常规工艺处理后均能达标,TOC去除率在春夏两季分别可达到85.7%和73.3%;而且,处理后的水在供水环网交汇后,水质维持在较低的波动水平。

表1 供水系统全流程理化参数的变化

Tab.1 Changes in physicochemical parameters of the water supply system

| 项目   | pH                        |      | DO/(mg·L <sup>-1</sup> )                 |      | 电导率/(μS·cm <sup>-1</sup> )                            |       | 浊度/NTU                                                |       |
|------|---------------------------|------|------------------------------------------|------|-------------------------------------------------------|-------|-------------------------------------------------------|-------|
|      | 春                         | 夏    | 春                                        | 夏    | 春                                                     | 夏     | 春                                                     | 夏     |
| 水库   | 8.04                      | 7.28 | 8.52                                     | 6.68 | 60.78                                                 | 61.35 | 3.23                                                  | 2.58  |
| 原水管道 | 7.26                      | 6.86 | 7.95                                     | 6.63 | 66.86                                                 | 62.80 | 3.53                                                  | 2.30  |
| 水厂   | 7.12                      | 6.81 | 8.83                                     | 4.79 | 71.51                                                 | 70.84 | 1.88                                                  | 2.00  |
| 供水管网 | 7.40                      | 7.09 | 9.76                                     | 7.63 | 73.84                                                 | 75.74 | 0.48                                                  | 0.57  |
| 项目   | TOC/(mg·L <sup>-1</sup> ) |      | COD <sub>Mn</sub> /(mg·L <sup>-1</sup> ) |      | NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N/(mg·L <sup>-1</sup> ) |       | NO <sub>2</sub> <sup>-</sup> -N/(mg·L <sup>-1</sup> ) |       |
|      | 春                         | 夏    | 春                                        | 夏    | 春                                                     | 夏     | 春                                                     | 夏     |
| 水库   | 0.98                      | 0.90 | 0.37                                     | 1.98 | 0.07                                                  | 0.10  | 0.020                                                 | 0.005 |
| 原水管道 | 0.28                      | 0.84 | 0.37                                     | 1.95 | 0.03                                                  | 0.08  | 0.013                                                 | 0.010 |
| 水厂   | 0.27                      | 0.59 | 0.72                                     | 1.59 | 0.02                                                  | 0.05  | 0.005                                                 | 0.004 |
| 供水管网 | 0.14                      | 0.24 | 0.05                                     | 1.70 | 0.01                                                  | 0.04  | 0.003                                                 | 0.002 |

在季节上,夏季TOC、COD<sub>Mn</sub>、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N浓度高于春季,而DO和NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N则呈现出相反的特征。这主要是因为夏季的高温导致微生物代谢活动更为旺盛<sup>[14]</sup>,加快了有机物的分解以及氮循环和转化过程<sup>[15]</sup>,从而使得TOC、COD、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N浓度升高,而NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N在加快的氮转化中被进一步消耗,致使其浓

度降低;同时,夏季较高的水温降低了氧气在水中的溶解度,影响了相关化学反应和生物过程<sup>[16]</sup>,也会对这些物质的浓度变化产生作用。

2.2 微生物多样性的空间及季节性变化

春夏两季供水系统中微生物的alpha多样性变化情况如表2和图1所示。

表2 春夏两季供水系统中微生物的alpha多样性变化

Tab.2 Change in alpha diversity of microorganisms in water supply system during spring and summer

| 项目   |    | Chao1       |             | Shannon   |           | Pielou    |           |
|------|----|-------------|-------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
|      |    | 春           | 夏           | 春         | 夏         | 春         | 夏         |
| 水库   | 范围 | 1 648~2 794 | 3 419~5 695 | 4.82~5.38 | 5.19~5.93 | 0.66~0.70 | 0.68~0.74 |
|      | 均值 | 2 317       | 4 293       | 5.05      | 5.48      | 0.68      | 0.71      |
| 原水管道 | 范围 | 2 248~2 943 | 3 397~4 717 | 4.51~5.22 | 5.54~5.81 | 0.60~0.70 | 0.70~0.73 |
|      | 均值 | 2 605       | 4 340       | 4.84      | 5.68      | 0.65      | 0.71      |
| 水厂   | 范围 | 1 545~3 374 | 2 394~4 705 | 3.12~5.35 | 3.73~6.00 | 0.43~0.69 | 0.51~0.75 |
|      | 均值 | 2 427       | 3 589       | 4.19      | 5.02      | 0.57      | 0.65      |
| 供水管网 | 范围 | 1 015~1 960 | 1 012~3 659 | 3.00~3.95 | 3.36~5.09 | 0.45~0.56 | 0.48~0.65 |
|      | 均值 | 1 443       | 2 356       | 3.60      | 4.01      | 0.52      | 0.54      |

在空间上,水源水从水库进入原水管道后,管道内的环境条件(如温度、水流速度、营养物质浓度等)发生了变化,为某些微生物生长和繁殖创造了

更有利的条件<sup>[4]</sup>,因此水中微生物的Chao1、Shannon以及Pielou指数略有增大。经常规工艺处理后,这3个指标均明显降低,分别降低了约18.3%、19.1%、

20.4%,尤其是加氯消毒后,部分细菌因对氯的敏感性而被杀灭或抑制,从而导致微生物多样性下降。与此同时,部分微生物或许由于对消毒剂具有耐性而逐渐占据主导地位,从而造成了群落均匀度的降低<sup>[17]</sup>。另外,Goods coverage指数值均在0.96以上,说明测序深度对样本中细菌种类的覆盖度在96%以上,可基本反映样品中微生物的真实情况。

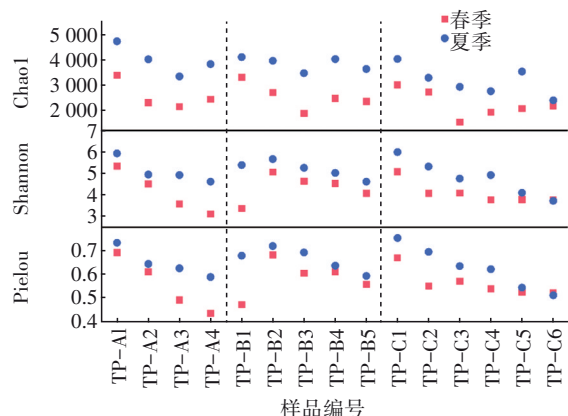


图1 水厂沿程微生物的alpha多样性变化

Fig.1 Change in alpha diversity of microorganisms along water treatment plant

在季节上,夏季微生物的多样性和丰富度均显著高于春季,全流程中Shannon指数夏季高于春季8.5%~19.8%,这主要是由于夏季通常温度较高,更适合微生物的生长和代谢活动,且夏季用水量往往增多,使用频率的变化及瞬时的水力突变均会导致管道生物膜脱落并释放至水体<sup>[18]</sup>;此外,夏季人类

活动增加,可能带来更多的外源微生物输入<sup>[19]</sup>,从而共同导致了夏季供水系统中微生物的多样性和丰富度高于春季。经常规工艺处理后,微生物的Shannon指数在春夏季节分别降低了约29%和27%,Pielou指数均降低了约24%。

基于Bray-Curtis距离对春夏两季供水系统全流程所有采样点进行非度量多维尺度分析,结果显示,供水系统全流程微生物群落的空间和季节两方面各自聚类(见图2)。在空间方面,不管是春季还是夏季,从源头到龙头的微生物群落均呈现出规律性的空间分布特征,水库原水、水厂水、供水管网水三组样本各自形成了显著的聚类模式,表明它们之间的微生物群落结构存在显著差异。值得注意的是,水厂水与供水管网水的聚类更为接近,且存在部分重叠,这进一步揭示了两组水样在微生物群落组成上的相似性。这可能是由于供水管网在输送过程中为微生物提供了一定的生存环境,使得部分微生物得以存活并增殖。水库原水中的微生物群落可能受到自然环境的影响,形成了独特的群落结构,但经工艺处理后发生了显著变化<sup>[20-21]</sup>。在季节方面,季节性变化对供水系统全流程微生物群落结构的显著影响,暗示了与季节相关的因素(如温度、降雨量、用水量等)在塑造微生物群落方面发挥了重要作用。微生物在不同季节呈现出不同特征,需根据季节的变化来调整和优化供水系统的处理策略,以保障供水的微生物安全性。

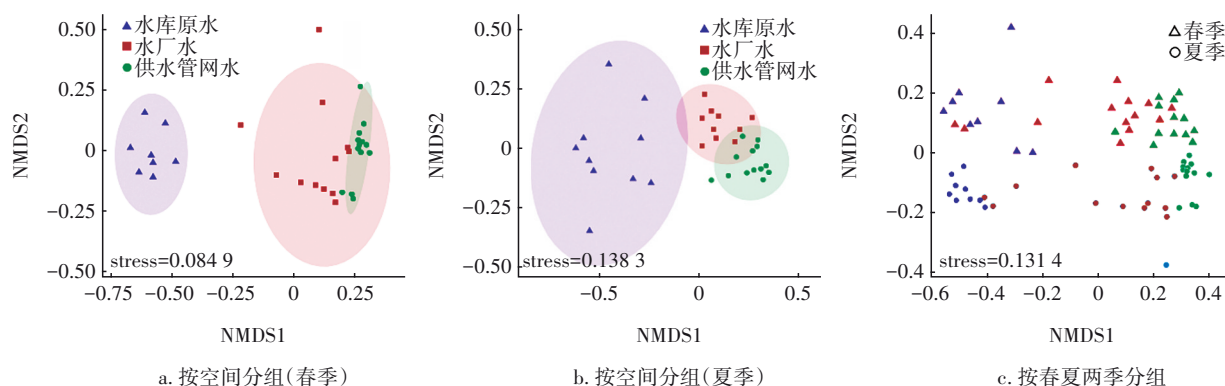


图2 基于Bray-Curtis距离的非度量多维尺度分析

Fig.2 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) based on Bray-Curtis distance

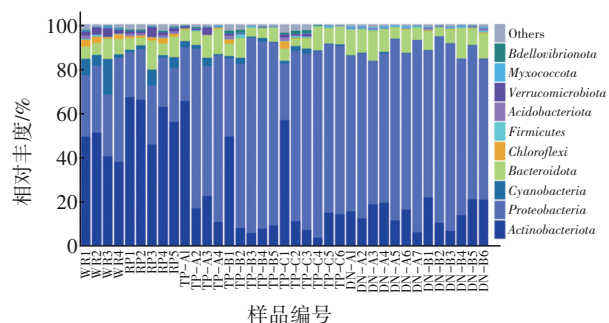
### 2.3 微生物组成的空间及季节性特征

微生物优势物种作为群落的主导者,能够敏锐地反映水质的变化情况<sup>[22]</sup>。与此同时,一些含量较少但可能对健康构成威胁的物种,如致病菌和耐氯

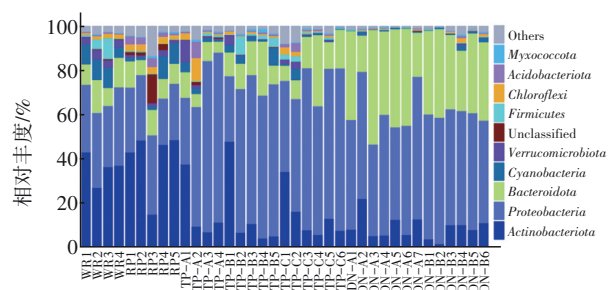
菌,可能通过饮用水传播肠道疾病、呼吸道疾病等<sup>[23]</sup>,同样需要引起重视。为了更深入地研究多水源供水系统全流程中微生物的赋存特征,筛选了门水平和属水平前十表达量的微生物以及属水平中

致病菌和耐氯菌的相对含量,并绘制了它们在群落中的相对丰度堆叠图,如图3所示。

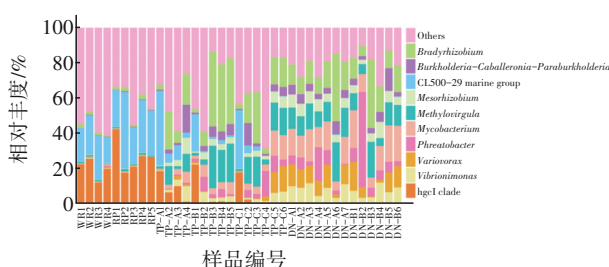
在空间上,消毒剂(如氯、臭氧等)和混凝剂(如铝盐、铁盐等)在水处理过程中起到显著作用,通过破坏微生物的细胞结构,抑制其生长和繁殖<sup>[24]</sup>。因此,水处理前后的微生物群落构成存在明显差异。在门水平上,放线菌门(*Actinobacteriota*)在原水微生物群落中的占比达到近50%,但在水处理过程的加氯环节后,其比例显著降低并始终保持在较低水平。与此同时,变形菌门(*Proteobacteria*)的比例随之增加并在供水管网中保持高占比。在属水平上, *hgcI* clade 和 CL500-29 marine group 的占比明显降低。值得注意的是,致病菌和耐氯菌 *Mycobacterium* 占比升高,猜测该供水系统在水处理过程中或处理后,饮用水可能因管道破损、储水设施不洁等原因受到了二次污染。



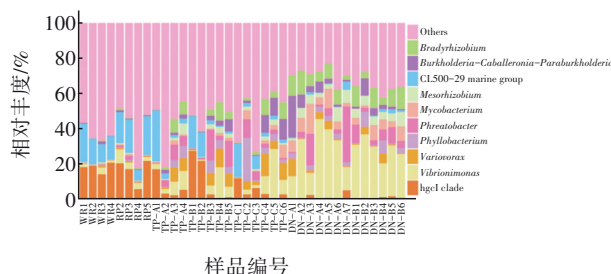
a. 门水平(春季)



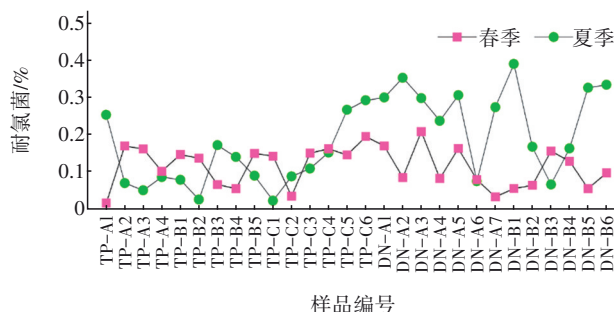
b. 门水平(夏季)



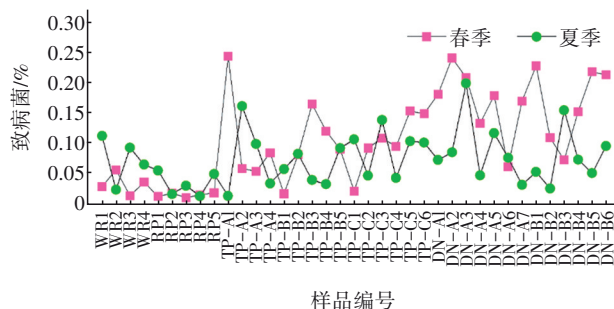
c. 属水平(春季)



d. 属水平(夏季)



e. 耐氯菌(属水平)



f. 致病菌(属水平)

图3 供水系统全流程微生物的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of microorganisms in water supply system

在季节上,由于环境温度等外部条件的差异,供水系统中春夏两季的微生物组成明显不同。在门水平上,拟杆菌门(*Bacteroidota*)在春季表现出对环境变化的较小敏感性,其占比在供水分配管网的全流程中均保持相对稳定。然而,进入夏季后,随着温度的升高和微生物活性的显著增强,水体中的有机物降解速率明显加快,这一过程不仅促进了有机碳和营养物质的释放,还创造了一个更为适宜特定微生物群落生存的环境。在这样的环境条件下, *Bacteroidota* 因其独特的生理特性,获得了更加优越的生存和繁衍条件,因此在夏季的供水分配管网中,其占比显著增加。

进一步对春夏季节的致病菌和耐氯菌进行分析,发现春季的致病菌含量高于夏季,可能意味着

春季的水质在某些方面更容易滋生致病菌或保持致病菌的活性,这可能与春季的气温回升、降雨增多、水源污染等因素有关<sup>[25]</sup>。夏季的耐氯菌含量高于春季,表明在高温条件下耐氯菌可能具有更强的生存能力和适应性。耐氯菌能够抵抗氯消毒等常规水处理措施,因此它们在供水系统中的存在可能对水质安全构成潜在威胁。

鉴于季节对供水系统中微生物群落的影响,水厂可能需要根据季节变化调整其水处理策略。例如,在春季需要加强针对致病菌的消毒措施,而在夏季则需要关注耐氯菌的控制问题。

## 2.4 微生物的群落组装过程

为了研究季节以及水处理工艺对供水系统中微生物生态过程的影响,对微生物群落的生态过程进行了量化分析,结果见图4。

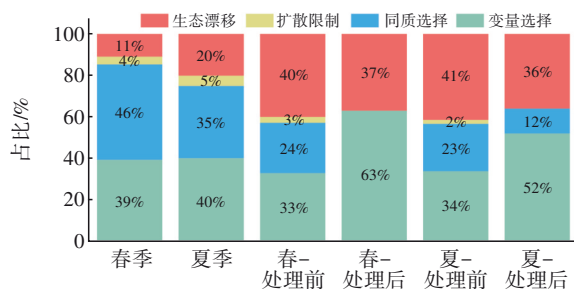


图4 基于零模型计算得到的微生物群落组装的生态过程

Fig.4 Ecological process of microbial community assembly based on null model

从季节方面来看,在春季,微生物群落结构受到确定性过程(同质选择和变量选择)的主导,占据85%的比例。同质选择指微生物群落中个体对环境因子的相似反应,而变量选择则反映了环境条件变化引起的微生物群落结构调整,这些过程共同作用,维持了春季微生物群落结构的相对稳定性。在夏季,微生物群落的生态过程发生了显著变化。虽然确定性过程(75%)仍然是主要的生态过程,但是生态漂移的比例显著增加到20%。生态漂移反映了微生物群落中个体之间的迁移和重新分布,通常是响应于环境变化或竞争压力增加的结果<sup>[12]</sup>。这种变化可能与夏季的季节性降雨增加、温度波动等因素密切相关,这些因素可能导致微生物群落中的个体重新组合和生态位的重新分配,个体之间的竞争或互利关系更为复杂,以适应更为动态和不稳定的夏季环境。

从季节性的水处理工艺来看,不同季节、不同

处理阶段均由确定性过程主导。水处理显著减少了同质选择作用,增加了变量选择作用。处理前后,春季的同质选择减少了24%,夏季减少了11%,由此推测水体物理化学性质(如DO、余氯浓度等)的变化有效削弱了原本限制某些微生物生存的环境筛选压力。与此同时,变量选择过程的增加进一步证明了水处理过程不是简单的物理或化学作用,而是一个复杂的生态系统干预的过程。在这个过程中,某些微生物可能适应了新环境而得到富集,例如耐氯菌对氯的抗性。

综上所述,季节与水处理工艺对供水系统微生物群落生态过程的改变反映了微生物与环境因素密不可分,进一步研究两者的响应关系有助于更深入地认识环境因素如何影响供水系统中微生物群落的生态过程。

## 2.5 微生物与环境因素的响应关系

为了深入探索微生物与环境因子之间的关系,选取了供水环网水中的致病菌、耐氯菌和优势菌三组,并与理化因子(pH、DO、电导率、浊度、TOC、COD<sub>Mn</sub>、NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N、NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N、余氯)进行 Mantel 检验,结果见图5。

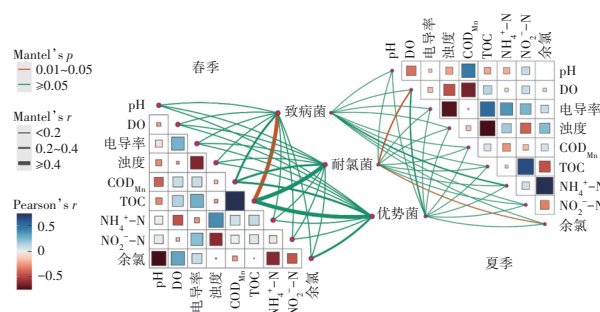


图5 影响致病菌、耐氯菌和优势菌的主要水质参数的 Mantel 检验结果

Fig.5 Mantel test results for the main water quality parameters affecting pathogenic bacteria, chlorine-tolerant bacteria, and dominant bacteria

在春季,致病菌与 TOC 呈强相关性,表明 TOC 可能是春季致病菌生长和繁殖的重要因素。TOC 作为微生物的主要碳源和能源,其浓度变化会直接影响微生物的生长和繁殖,有可能会促进致病菌在水体中的滋生<sup>[26]</sup>。因此,在春季需要特别关注水体中的 TOC 浓度,并采取有效措施降低其浓度,以减少致病菌的滋生风险。

在夏季,耐氯菌与 DO 和余氯浓度呈显著相关

性( $p < 0.05$ )。关于耐氯菌与DO浓度关系的研究相对较少,但已有研究表明DO是微生物呼吸作用所必需的成分,其浓度变化可能直接影响微生物群落的结构和组成<sup>[27]</sup>。同时,耐氯菌对氯消毒剂的抵抗力较强,与以往研究相同,其含量与余氯浓度显著相关<sup>[28]</sup>。DO与余氯浓度的变化可能会进一步影响微生物在消毒处理后的存活能力,因此在水处理过程中需要特别关注这两个指标。

### 3 结论

① 尽管不同水源水的水质差异较大,但经过常规工艺处理后出水水质均能达到国家标准,TOC的去除率可达73.3%~85.7%;而且,出厂水在供水环网交汇后,水质维持在较低的波动水平。

② 夏季时供水系统中的微生物群落呈现出更高的多样性与变异性,群落内部竞争与协同作用更为复杂多变。无论是春季还是夏季,确定性过程始终在群落组装中占据主导地位。水处理能够显著降低同质选择作用,春季降幅达24%,夏季降幅为11%。

③ 致病菌与耐氯菌在供水系统中的分布与存活状态受到多种理化指标的显著影响,且这种影响在不同季节间存在差异。春季TOC浓度的波动直接关联到微生物的生存环境与繁殖潜力,夏季DO与余氯浓度则成为更为关键的调控因子。

### 参考文献:

- [1] LI C G, LIU C, XU W H, *et al.* Formation mechanisms and supervisory prediction of scaling in water supply pipelines: a review [J]. *Water Research*, 2022, 222: 118922.
- [2] LI G, SU Y, WU B, *et al.* Chloramine prevents manganese accumulation in drinking water pipes compared to free chlorine by simultaneously inhibiting abiotic and biotic Mn(II) oxidation [J]. *Environmental Science & Technology*, 2022, 56(17): 12278–12287.
- [3] ZHANG X, LIN T, JIANG F, *et al.* Impact of pipe material and chlorination on the biofilm structure and microbial communities [J]. *Chemosphere*, 2022, 289: 133218.
- [4] KASUGA I, SUZUKI M, KURISU F, *et al.* Molecular-level characterization of biodegradable organic matter causing microbial regrowth in drinking water by non-target screening using Orbitrap mass spectrometry [J]. *Water Research*, 2020, 184: 116130.
- [5] YAMANAKA T. Corrosion by bacteria of concrete in sewerage systems and inhibitory effects of formates on their growth [J]. *Water Research*, 2002, 36 (10): 2636–2642.
- [6] WANG F, LI W, LI Y, *et al.* Molecular analysis of bacterial community in the tap water with different water ages of a drinking water distribution system [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2018, 12(3): 6.
- [7] MAQBOOL T, LI C, QIN Y, *et al.* A year-long cyclic pattern of dissolved organic matter in the tap water of a metropolitan city revealed by fluorescence spectroscopy [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 771: 144850.
- [8] XU X, KANG J, SHEN J, *et al.* EEM-PARAFAC characterization of dissolved organic matter and its relationship with disinfection by-products formation potential in drinking water sources of northeastern China [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 774: 145297.
- [9] LUO L W, WU Y H, YU T, *et al.* Evaluating method and potential risks of chlorine-resistant bacteria (CRB): a review [J]. *Water Research*, 2021, 188: 116474.
- [10] ARNALDOS M, PAGILLA K R. Implementation of a demand-side approach to reduce aeration requirements of activated sludge systems: directed acclimation of biomass and its effect at the process level [J]. *Water Research*, 2014, 62: 147–155.
- [11] ZHOU J, NING D. Stochastic community assembly: does it matter in microbial ecology? [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2017, 81 (4): e00002–17.
- [12] LI Y, GAO Y, ZHANG W, *et al.* Homogeneous selection dominates the microbial community assembly in the sediment of the Three Gorges Reservoir [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 690: 50–60.
- [13] GAO Y, ZHANG W, LI Y, *et al.* Dams shift microbial community assembly and imprint nitrogen transformation along the Yangtze River [J]. *Water Research*, 2021, 189: 116579.
- [14] YAN Z, LIU B, QU F, *et al.* Control of ultrafiltration membrane fouling caused by algal extracellular organic matter (EOM) using enhanced Al coagulation with permanganate [J]. *Separation and Purification Technology*, 2017, 172: 51–58.

- [15] SONG X, ZHAO Y, ZHANG L, *et al.* Photodegradation, bacterial metabolism, and photosynthesis drive the dissolved organic matter cycle in the Heilongjiang River [J]. *Chemosphere*, 2022, 295: 133923.
- [16] DEEMER B R, HENDERSON S M, HARRISON J A. Chemical mixing in the bottom boundary layer of a eutrophic reservoir: the effects of internal seiche on nitrogen dynamics [J]. *Limnology and Oceanography*, 2015, 60(5): 1642–1655.
- [17] ZHU Z, XU S, BAO X, *et al.* Effect of outdoor pipe materials and community-intrinsic properties on biofilm formation and chlorine resistance: black sheep or team leader [J]. *Journal of Cleaner Production*, 2023, 411: 137308.
- [18] XIN C. Effect of flow fluctuation on water pollution in drinking water distribution systems [J]. *Environmental Research*, 2024, 246: 118142.
- [19] ABDELHAFIZ M A, ELNAZER A A, SELEEM E M M, *et al.* Chemical and bacterial quality monitoring of the Nile River water and associated health risks in Qena-Sohag sector, Egypt [J]. *Environmental Geochemistry and Health*, 2021, 43(10): 4089–4104.
- [20] WEI Y J, WU H Y, ZHANG X D, *et al.* Comparative analysis of chlorine-resistant bacteria after chlorination and chloramination in drinking water treatment plants [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 469: 134075.
- [21] JANTARAKASEM C, KASUGA I, KURISU F, *et al.* Temperature-dependent ammonium removal capacity of biological activated carbon used in a full-scale drinking water treatment plant [J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(20): 13257–13263.
- [22] KE X, WANG C Y, JING D B, *et al.* Assessing water quality by ratio of the number of dominant bacterium species between surface/subsurface sediments in Haihe River Basin [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2015, 98(1/2): 267–273.
- [23] PANDEY P K, KASS P H, SOUPIR M L, *et al.* Contamination of water resources by pathogenic bacteria [J]. *AMB Express*, 2014, 4: 51.
- [24] BECERRA-CASTRO C, MACEDO G, SILVA A M T, *et al.* Proteobacteria become predominant during regrowth after water disinfection [J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 573: 313–323.
- [25] MØLLER A P, SOLER J J, NIELSEN J T, *et al.* Pathogenic bacteria and timing of laying [J]. *Ecology and Evolution*, 2015, 5(8): 1676–1685.
- [26] ODHIAMBO K A, OGOLA H J O, ONYANGO B, *et al.* Contribution of pollution gradient to the sediment microbiome and potential pathogens in urban streams draining into Lake Victoria (Kenya) [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 30(13): 36450–36471.
- [27] MISRA A K, TIWARI P K, GOYAL A, *et al.* Modeling and analysis of the depletion of organic pollutants by bacteria with explicit dependence on dissolved oxygen [J]. *Natural Resource Modeling*, 2014, 27(2): 258–273.
- [28] HE Z, FAN X, JIN W, *et al.* Chlorine-resistant bacteria in drinking water: generation, identification and inactivation using ozone-based technologies [J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2023, 53: 103772.

作者简介: 费杰(1971–), 男, 浙江宁波人, 硕士, 高级工程师, 主要从事城市水资源、水环境与水生态方面的工作。

E-mail: 1037644987@qq.com

收稿日期: 2024-08-06

修回日期: 2024-09-03

(编辑: 刘贵春)