从水源到龙头：DOM 组分演变与供水系统微生物群落稳态关联

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/40564.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

从水源到龙头：DOM 组分演变与供水系统微生物群落稳态关联。随着城市群规模持续扩张，单一水源供水模式已难以满足日益增长的用水需求。多水源、多水厂联合供水系统凭借其灵活调配的优势，成为缓解大城市水资源短缺困境的重要战略选择。然而，这种复杂的供水格局也带来了新的科学问题：水源切换导致原水水质波动，水中溶解性有机物的组分构成随之改变；微生物群落在不同水质条件下的响应机制尚未明晰；DOM与微生物之间的交互作用更可能引发管道腐蚀、生物膜形成及消毒副产物生成等一系列水质安全风险。尽管近年来有关水体DOM特征和微生物生态的研究日益增多，但DOM组分变化如何定量影响供水系统中微生物群落的稳定性，从水源到用户龙头的全流程机制仍缺乏系统性阐释。

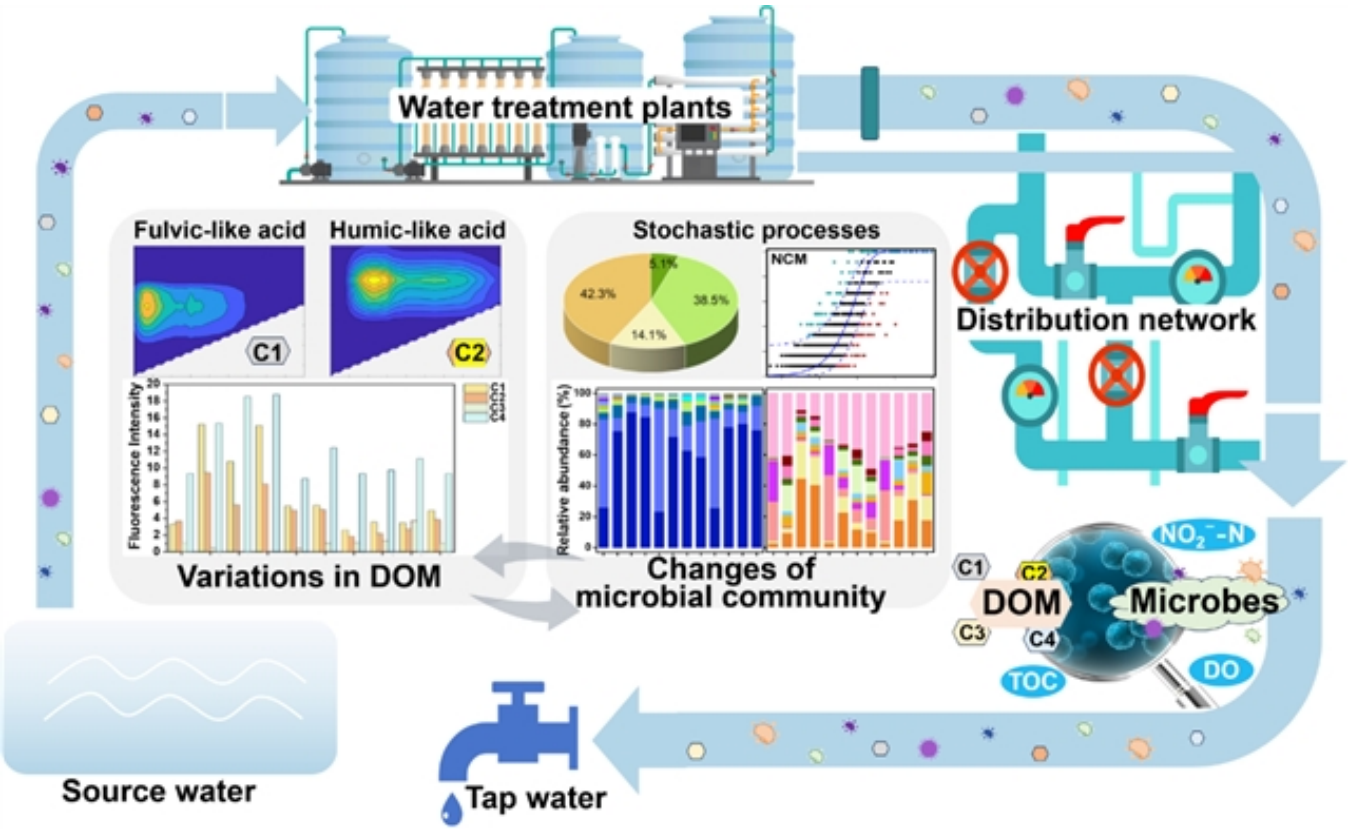


图1.摘要图

多水源切换下饮用水安全的挑战

多水源系统带来的双重效应

多水源、多水厂供水模式在缓解水资源短缺方面具有显著优势，但其复杂的输配体系也增加了污染物引入和滋生的风险。不同水源的水质特征差异显著，水源切换过程中流速等水力条件的改变可能扰动管道内壁的稳定垢层，导致铁、锰等金属离子释放，进而引发红水或黄水等水质事件。

DOM组分动态变化及其潜在影响

溶解性有机物是水体中一类组成复杂的有机混合物，其浓度和组分在原水、水处理及输配过程中持续发生动态变化。絮凝工艺会优先去除DOM中的腐殖质类组分，而消毒工艺（尤其是氯化消毒）则可能与DOM反应生成三卤甲烷、卤乙酸等有害消毒副产物。与此同时，作为微生物生长所需的碳源和能源，DOM的组分变化直接影响着供水系统中微生物群落的代谢活性与结构组成。异养细菌和真菌可利用DOM作为碳源，将其转化为生物量或更简单的有机化合物。因此，DOM与微生物之间的交互作用具有双向性。

微生物群落稳定性的未知维度

现有研究对DOM与微生物之间关系的研究多聚焦于沼泽、湖泊等自然水体，而供水系统外部条件相对稳定，原水水质对DOM初始组成的影响更为关键。已有证据表明，DOM的组成可影响微生物群落的多样性、结构和功能，但DOM组分变化如何定量影响微生物群落的稳定性，从水源到龙头的全流程中这一机制如何演进，仍是有待回答的科学问题。特别是在供水管网这一封闭环境中，微生物群落的形成和演替过程受到哪些生态学过程的调控，微生物与DOM之间的定量关系如何，这些问题直接关系到供水水质的安全保障。

研究内容与核心结论：从水源到龙头的系统解析

全流程DOM组分的荧光特征解析

研究采用三维荧光光谱-平行因子分析技术，对供水系统全流程中47个水样的DOM组分进行了系统解析。结果显示，从水源到用户龙头，DOM呈现腐殖化程度较弱、自生来源特征显著的特点。荧光区域积分分析表明，在输配水管网中，代表类蛋白质物质的区域Ⅰ和区域Ⅱ的占比高达62%，而在原水中这一比例仅为20%；相反，代表类腐殖质荧光的区域Ⅴ在原水中占比最高（21%），在管网中则降至仅10%。絮凝工艺对腐殖质类组分具有优先去除效应，而氯化消毒则显著降低了富里酸和腐殖酸的含量。这一转变意味着供水系统中DOM的组成正逐步向生物可利用性更高、更易被微生物降解的类蛋白质物质倾斜。

微生物群落结构的演替与组装机制

高通量测序分析揭示，供水系统中共存着39个门、89个纲、220个目、409个科、1162个属和1918个种的微生物。水处理工艺（特别是氯化消毒）使微生物丰富度（Chao1指数）显著降低了60.88%，香农指数和辛普森指数分别下降35.27%和7.10%。在门水平上，假单胞菌门、放线菌门和拟杆菌门是三大优势菌门，合计占比达76%～99%。值得关注的是，在管网水样中检测到慢生根瘤菌属、分枝杆菌属等多个含有病原菌的菌属，提示输配管网可能存在二次污染风险。在群落组装机制方面，随机性过程在亚群水平上占据了主导地位，中性群落模型分析进一步验证了这一结论

。这意味着供水系统中微生物群落结构的形成并非完全受环境筛选的确定性过程主导，而是存在较大的随机性。

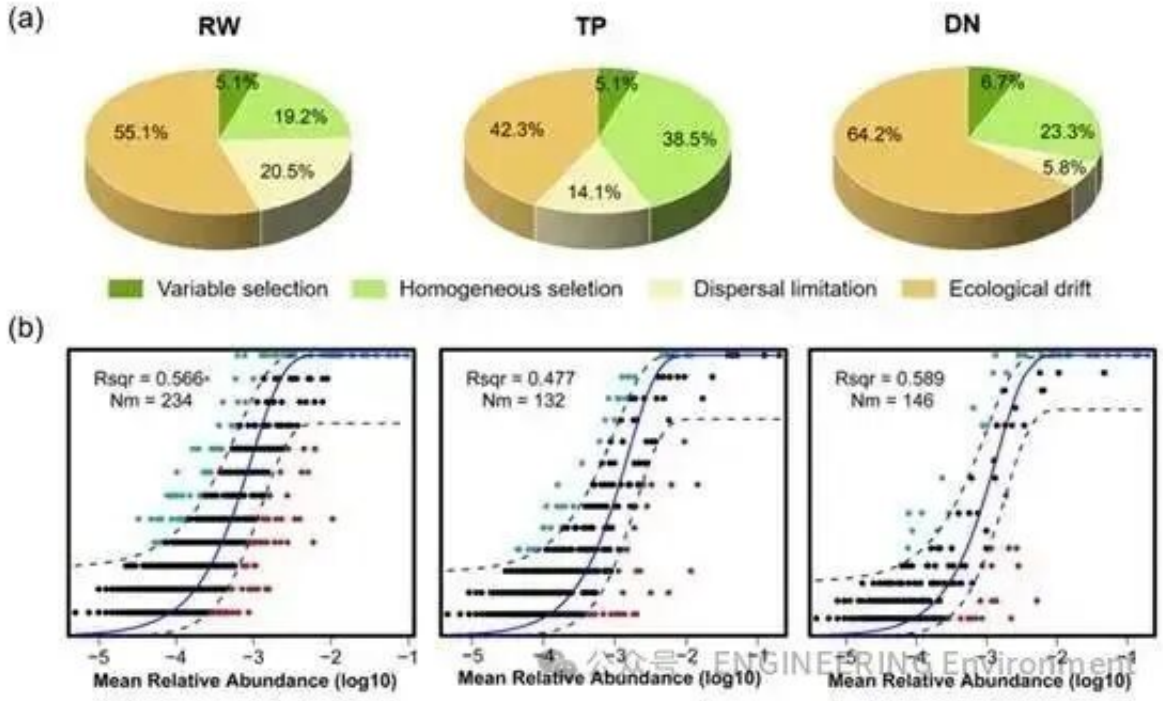


图2. 原水管道、水处理厂、供水管网中微生物的群落组装分析.（a）零模型分析（b）中性模型.

腐殖质与富里酸：影响微生物群落稳定性的关键组分

冗余分析和Spearman相关性分析表明，总有机碳、类腐殖酸、溶解氧和亚硝酸盐氮是影响微生物群落结构的关键环境因子。类富里酸和类腐殖酸作为微生物生长所必需的碳源和能量来源，与CL500-29 marine group、hgcl clade等关键物种呈显著正相关。研究进一步引入了平均变异度指数对微生物群落的稳定性进行定量评估。结果显示，管网中微生物群落的稳定性最高（AVD指数为0.029），其次为原水（0.046），水厂工艺段稳定性最低（0.065）。结构方程模型定量揭示了DOM组分与微生物稳定性的因果路径：类蛋白质物质直接影响细菌多样性，而类富里酸和类腐殖酸则分别通过作用于AVD指数和Shannon指数，成为调控微生物群落稳定性的关键因子。总有机碳在其中扮演着枢纽角色，通过影响类富里酸、类腐殖酸、亚硝酸盐氮和类蛋白质物质等变量，间接调控微生物群落的稳定状态。

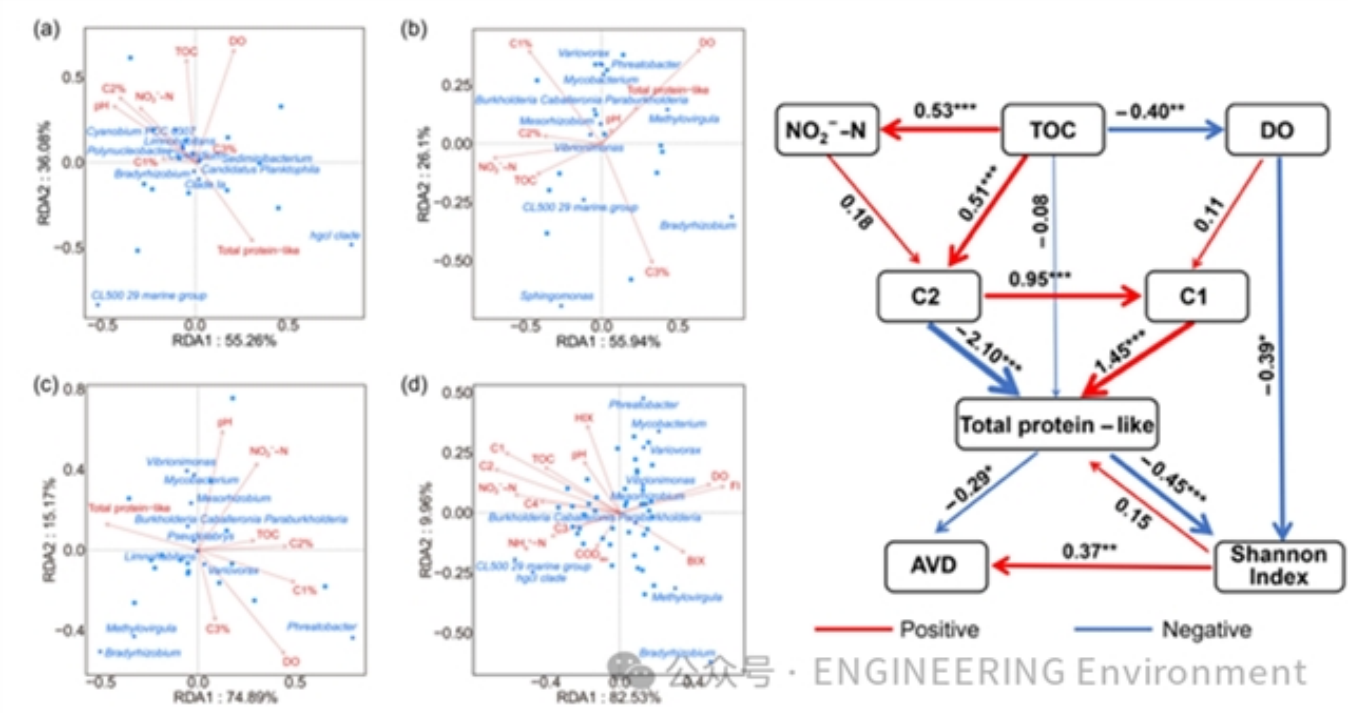


图3. （a）原水管道、（b）水处理厂、（c）供水管网与（d）全流程中环境因子的与微生物的RDA分析. （e）环境因

本研究从全流程视角系统阐释了溶解性有机物组分变化对饮用水供水系统中微生物群落稳定性的定量影响机制，揭示了随机性过程在群落组装中的主导作用，并明确了类腐殖酸与类富里酸作为关键调控组分的重要地位。这一发现为多水源多水厂供水系统的水质监测与运行管理提供了重要的科学依据，也为进一步探索供水管网中微生物生态学机制和优化水质安全保障策略奠定了理论基础。（来源：EngineeringJournals微信公众号）

相关论文信息：https://journal.hep.com.cn/fese/EN/10.1007/s11783-025-2014-7

特别声明：本文转载仅仅是出于传播信息的需要，并不意味着代表本网站观点或证实其内容的真实性；如其他媒体、网站或个人从本网站转载使用，须保留本网站注明的“ 来源 ”，并自负版权等法律责任；作者如果不希望被转载或者联系转载稿费等事宜，请与我们接洽。
作者：张文龙等 来源：《工程 · 环境》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发