

3
НОМЕР

БОИЦ

ISSN 2304-9081

ЭЛЕКТРОННЫЙ ЖУРНАЛ

<http://www.elmag.uran.ru>

БЮЛЛЕТЕНЬ

ОРЕНБУРГСКОГО НАУЧНОГО ЦЕНТРА УРО РАН

Оренбургская область

Букобайские яры

Валиева Ж.А.



2023

УЧРЕДИТЕЛЬ

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ
ОРЕНБУРГСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР
УРАЛЬСКОГО ОТДЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК

© Н.В. Немцева, 2023

УДК 614.777:579.63

Н.В. Немцева

МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА И ПРОБЛЕМА КАЧЕСТВА ПРИРОДНЫХ И ПИТЬЕВЫХ ВОД

Оренбургский федеральный исследовательский центр УрО РАН (Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН), Оренбург, Россия

Целью данного обзора является оценка современных данных о состоянии микрофлоры водоисточников и питьевых вод, включая материалы, полученные с привлечением современных молекулярно-генетических исследований.

В обзоре предпринята попытка обобщить имеющиеся результаты различных исследований, в том числе полученные с привлечением молекулярно-генетических подходов. Современные данные расширяют представление о численности и структуре микробиоценозов воды и систем питьевого водоснабжения, но не определяют новые санитарные показатели. По-прежнему востребован бактериологический метод исследования, однако применение количественных показателей оценки загрязнения с помощью передовых и быстрых технологий не дает полной уверенности в безопасности питьевого водоснабжения. В связи с этим, имеющиеся предложения по использованию наравне с количественными параметрами качественных показателей являются перспективными для более эффективного контроля и регуляции качества питьевой воды. Показано, что при всем значительном продвижении вперед в области изучения жизни биопленок систем питьевого водоснабжения, в целях успешной борьбы с ними, необходимо более глубокое понимание внешних/внутренних стимулов, а также молекулярных событий, происходящих внутри этого динамичного многовидового консорциума. Представленные данные важны для определения вектора дальнейшего научного поиска в плане контроля и поддержания качества питьевой воды. Привлечение новых знаний к решению проблемы качества питьевой воды, несомненно, принесет существенный вклад в решение данной проблемы.

Ключевые слова: природные водоемы, питьевые воды, микроорганизмы, санитарные показатели, фекальное загрязнение, биопленки, микробиом, системы питьевого водоснабжения.

N. V. Nemtseva

MICROBIAL COMMUNITIES AND THE PROBLEM OF THE QUALITY OF NATURAL AND DRINKING WATER

Orenburg Federal Research Center, UB RAS (Institute for Cellular and Intracellular Symbiosis, UB RAS), Orenburg, Russia

The purpose of this review is to assess current data on the state of the microflora of water sources and drinking waters, including materials obtained using modern molecular genetic approaches.

The review makes an attempt to summarize the available results of various studies, including those obtained using molecular genetic approaches. Modern data expands the understanding of the number and structure of microbiocenoses of water and drinking water supply systems, but does not determine new sanitary indicators. The bacteriological research method is still relevant, however, the use of quantitative indicators for assessing pollution using advanced and fast technologies does not provide complete confidence in the safety of the drinking water supply. In this regard, existing proposals for the use of qualitative indicators along with quantitative parameters are promising for more effective control and regulation of drinking water quality. It is

shown that with all the significant advances in the field of studying the life of biofilms in drinking water supply systems, in order to successfully combat them, a deeper understanding of the external/internal stimuli, as well as the molecular events occurring within this dynamic multi-species consortium, is necessary. The presented data are important for determining the vector of further scientific research in terms of monitoring and maintaining the quality of drinking water. Attracting new knowledge to solve the problem of drinking water quality will undoubtedly make a significant contribution to solving this problem.

Key words: natural reservoirs, drinking water, microorganisms, sanitary indicators, fecal pollution, biofilms, microbiome, drinking water supply systems.

Введение

Доступ к качественной питьевой воде – это глобальная проблема, которая давно вызывает серьезную озабоченность международного сообщества и является предметом развивающейся международной политики [10].

По мнению ряда специалистов, процессы продолжающегося роста населения, расширения антропогенной деятельности, а также изменчивости климата сопровождаются усилением деградации водных ресурсов, что, в свою очередь, влечет за собой подрыв экономического роста, вызывая растущие риски для здоровья населения, продовольственной безопасности, а также развития экосистемных услуг [26]. Исходя из доклада Организации Объединенных Наций о мировом развитии водных ресурсов, каждый девятый человек в мире использует питьевую воду из небезопасных источников. Недоброкачественная питьевая вода и низкий уровень санитарии негативно влияют на социально-экономическое развитие многих стран, приводя к снижению производительности, при этом потери достигают до 5% их валового внутреннего продукта [67].

Проблема санитарного качества воды повсеместно охватывает многие страны вне зависимости от их экономического статуса. Недостаток доступа к доброкачественной питьевой воде, а также низкие санитарные условия жизни в ряде стран Африки стали в 2016 г. причиной 829 000 случаев смерти людей от диарейных заболеваний. По данным специалистов, ежегодно от диареи умирает более 350 000 детей в возрасте до 5 лет [9]. В США, по сообщению *национального эпидемиолого-аналитического Центра по контролю и профилактике заболеваний*, патогены, передающиеся через воду, ежегодно вызывают 7,15 млн. случаев болезни, а также 6630 смертей, что обходится бюджету системы здравоохранения более чем в 3,3 миллиарда долларов [6].

Усугублению проблемы качества питьевых вод способствуют не толь-

ко глобальные изменения окружающей среды, но и различные социальные движения. Например, в последнее время набирает популярность сознательный отказ многих жителей ряда стран от потребления бутилированной воды в пользу водопроводной. В качестве мотивирующего момента в ряде случаев указывается забота об окружающей среде, поскольку одноразовая пластиковая тара оказывает разрушающее воздействие на экосистемы [24, 56]. С другой стороны, высказываются опасения, связанные с риском негативного влияния на здоровье человека микропластика, фторидов и других примесей, повсеместно регистрируемых в бутилированной воде [16, 60, 62].

Исходя из этого, значимость санитарной безопасности водопроводной воды увеличивается. Одной из проблем, на решение которой нацелено внимание специалистов, является микробиологическое качество воды. При этом ряд исследователей заостряет внимание на том, что даже при хорошей водоподготовке, доля риска поступления патогенов в магистральную сеть все же сохраняется [12, 28, 42]. Дополнительная напряженность, связана с возникновением и циркуляцией атипичных штаммов бактерий, образованием новых форм микроорганизмов, высокоустойчивых к антимикробным препаратам [8].

Отмечено частое обнаружение в водной среде патогенных для человека рота-, норо-, астро-вирусов, ответственных за значительную долю заболеваний, передающихся через воду [4, 53]. В последнее время появились данные об обнаружении в фекалиях больных, а затем и в образцах сточных вод, РНК-вируса SARS-CoV-2 – возбудителя тяжелого острого респираторного синдрома, вызвавшего в 2019 г. пандемию [22, 33, 41, 43, 74]. Высказываются опасения по поводу распространения данного вируса в окружающей среде, а также оцениваются возможные риски [13, 19].

Исходя из этого, накопленные к настоящему времени материалы, включая полученные данные с привлечением современного молекулярно-генетического оборудования, способны существенно расширить представление о микрофлоре питьевых вод и ее значимости для человека. Поэтому в данном обзоре предпринята попытка обобщения разрозненных результатов исследований для определения вектора дальнейшего научного поиска, направленного на решение проблем качества питьевой воды.

Характеристика состояния и оценка качества водных ресурсов.

Типичная система питьевого водоснабжения, начинаясь от источника водозабора, включает технологическую линию производственного процесса

водоподготовки и, следуя далее по распределительной сети, в составе водопровода внутри помещения достигает потребителя. Отмечено, что непрерывный ток воды сопровождается массовой миграцией микробных сообществ, являющихся неизбежным компонентом природных экосистем, а также распределительной сети [68]. Исходя из этого, качество питьевой воды с физико-химической и микробиологической точек зрения отражает характеристики природного источника сырой воды, что и составляет одну из ключевых проблем современности.

В сложившихся условиях исследователями отмечается, что деградация пресноводных экосистем из-за различных типов загрязнения привела к сокращению примерно на одну треть глобального биоразнообразия гидробиоценозов, а в ряде случаев к исчезновению самих водоисточников [26]. Создавшаяся проблема ставит питьевую воду в разряд стратегических ресурсов, при этом контроль качества сохраняет свое первостепенное значение. Понимание перемещений микробного сообщества от естественного источника к водопроводу, а также факторов, лежащих в их основе, играет значительную роль в обеспечении безопасности питьевого водоснабжения. Правильная оценка качества воды являются ключевым фактором для принятия решений относительно инфраструктуры систем водоснабжения, выбора наилучших методов очистки воды и предотвращения вспышек заболеваний, передающихся через воду.

Традиционно качество питьевой воды складывается из ряда показателей, включая микробиологические параметры.

Поскольку, передающиеся через воду патогены и связанные с ними заболевания, являются серьезной проблемой общественного здравоохранения, то их прямое обнаружение в питьевой воде является ключевым показателем ее качества. В условиях современного уровня водоподготовки показано, что ряд гигиенически значимых условно-патогенных микроорганизмов, таких как *Pseudomonas aeruginosa*, *Legionella pneumophila*, *Mycobacteria*, *Aeromonas hydrophila*, *Klebsiella pneumoniae*, *Campylobacter* sp. обладают способностью расти при низких концентрациях питательных веществ в системах распределения питьевой воды [73]. Отмечена способность к росту в воде систем городского водоснабжения нетуберкулезных микобактерий, колиформ, псевдомонад [35, 52]. Показано, что некоторые простейшие (например, *Acanthamoeba*, *Cryptosporidium*, *Giardia lamblia*) или их цисты хорошо сохраняются в систе-

мах питьевого водоснабжения, представляя опасность для потребителя в качестве самостоятельных патогенов или в качестве хозяев для патогенных бактерий, таких как *Legionella pneumophila* [69]. При этом большое значение отводится температурному фактору, способствующему сохранению и развитию патогенов в системах питьевого водоснабжения. Как показывает практика, повышение температуры воды на каждые 10°C приводит к двукратному увеличению микробной активности [15].

В настоящее время в мировой лабораторной практике предпринимаются попытки по созданию единого подхода к сбору и анализу проб воды на наличие всех представляющих интерес патогенных микроорганизмов. Однако до сих пор по-прежнему многие патогены, передающиеся через воду, трудно изолировать и идентифицировать в лабораторных условиях, поскольку, связанные с этим методы, ограничены своей низкой чувствительностью и чрезмерным временем, необходимым для получения надежных результатов [59]. Кроме этих причин, указываются следующие: низкая концентрация патогенов в большом объеме воды, что обычно требует обогащения и концентрирования проб перед обнаружением, присутствие в исследуемых пробах ингибиторов, а также способность бактерий к существованию в некультивируемом состоянии, что может давать ложноотрицательные результаты [37].

Следуя нормативным документам ряда стран, в лабораторной практике обычно используют не прямые, а косвенные показатели, определяющие фекальное загрязнение, путем регистрации общего микробного числа (ОМЧ), колиформных бактерий, таких как общие колиформные бактерии (ОКБ), а также *E. coli*, фекальные стрептококки и энтерококки [34].

При этом следует понимать, что водные экосистемы, служащие для водозабора, являются одними из самых богатых на Земле с точки зрения биоразнообразия. Исходя из этого, питьевая вода, добываемая из этих источников, также не стерильна. Например, в соответствии с отечественными нормативами в 1 см³ питьевой воды допускается содержание от 5·10¹ до 10² бактериальных клеток. Считается, что данное микробное число не представляет проблемы для здоровья человека [11]. Исходя из этого, следует понимать, что показатель общего микробного числа (ОМЧ), выявляющий общее содержание мезофильных аэробных и факультативно анаэробных микроорганизмов в 1 см³ исследуемой воды, в традиционной лабораторной практике служит надежным показателем безопасности питьевого водоснабжения.

Однако накапливающиеся данные свидетельствуют о несоответствии количественных нормативов качественным показателям. Опубликованные результаты современных исследований убедительно показывают, что метод определения ОМЧ с высевом аликвот исследуемых проб воды на чашки с мясопептонным агаром позволяет выявлять лишь культивируемые бактерии, доля которых составляет около 1% от всей микробиоты воды [69]. Поэтому постоянно ведется поиск альтернативных параметров качества воды [30, 47].

Одновременно с этим ведется сбор данных, позволяющих оценить состав микробного сообщества исследуемого водоема, влияние на него биотических и абиотических факторов, чему в последнее время придается ключевое значение [18]. В данном контексте, совокупность микробов в питьевой воде предложено рассматривать, как микробиоту питьевой воды, или «микробиом», когда речь идет о связанной с ней генетической информацией [36].

С применением современных молекулярно-генетических технологий секвенирования установлено, что, несмотря на высокое качество и безопасность питьевых вод, обнаруженные в них микробные сообщества гораздо более многочисленны и сложны, чем это представлялось по результатам традиционных методов микробиологии [29, 39, 65, 70]. Опираясь на результаты недавнего метаанализа, существующих и доступных наборов данных Illumina 16S рРНК, полученных из источников питьевой воды, систем очистки питьевой воды и систем распределения питьевой воды, удалось выявить в общей сложности 22 754 уникальных таксона [68].

Сегодня, поступающие сведения носят, преимущественно, описательный характер и временами противоречивы. Так, по утверждению одних исследователей, основной микробиом питьевых вод независимо от происхождения и наличия/отсутствия дезинфектантов остаточного типа представлен в основном *Proteobacteria*, среди которых господствующее положение повсеместно занимают *альфа*- и *бета*-протеобактерии, что составляет более 80% последовательностей, в то время, как присутствие *гамма*-протеобактерий, а также *Nitrospirae*, *Planctomycetes*, *Acidobacteria*, *Bacteroidetes* и *Chloroflexi* менее значительно [14, 40, 61, 75]. Другими учеными показано доминирование *Proteobacteria* во всей системе водоснабжения. При этом также отмечено присутствие в воде, прошедшей водоподготовку, типичных для микробиома речной воды представителей типов *Bacteroidota*, *Actinobacteria* и *Verrucomicrobiota* [71]. Также имеются сообщения о том, что *Proteobacteria* и

Bacteroidota преобладали в речной воде и на протяжении всего процесса водоподготовки, но в конечной питьевой воде сильное селективное давление хлорирования уменьшало разнообразие, позволяя преобладать на этом фоне цианобактериям [57].

В недавних обзорных статьях со ссылкой на результаты мониторинговых исследований рядом авторов указывается, что чаще всего различные природные источники воды отличаются по микробному составу. Это приводит к формированию разнообразных бактериальных сообществ в произведенной питьевой воде [18, 76]. Описаны существенные различия состава микробиомов между образцами питьевых вод, полученными из поверхностных и подземных источников [85]. В частности, показано, что подземные воды содержат микроорганизмы, принадлежащие к классу Candidate Phyla Radiation, и даже сверхмалые бактерии [17, 49]. Напротив, в поверхностных водах не замечено преобладание этих некультивируемых, новых для науки микроорганизмов. Одновременно установлено присутствие цианобактерий, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes* и *Proteobacteria* в водах, полученных как из поверхностных, так и подземных источников [76]. Показано, что разнообразие микробиоты существенно снижалось в сильно загрязненной воде. Воды с высоким антропогенным фекальным загрязнением продемонстрировали низкое разнообразие микробиоты [55, 66]. В итоге, все новые и новые исследования представляют собой довольно пестрое полотно. Полученные результаты порой противоречивы, однако многие авторы сходятся во мнении, что таксономический состав микробного сообщества питьевых вод существенно зависит от качества самого водоисточника, материала и состояния трубопроводов, температурного режима, природы применяемых дезинфектантов [45, 58].

На фоне большого объема полученного материала предпринимаются попытки сконцентрировать внимание на основных компонентах сложных микробных сообществ питьевых вод, что явилось побудительным мотивом для предложения нового термина: «основной микробиом», включающего понятие микробиоты таксонов, являющихся общими для микробных консорциумов из аналогичных местообитаний [64].

Однако попытки определения универсальных представителей основного микробиома на уровне рода или вида в различных системах водоснабжения оказались довольно затруднительны, в силу выявления значительных расхождений в источниках водоснабжения, используемых дезинфицирую-

щих средствах (хлор, хлорамин, озон), а также в технологических особенностях, способствующих постоянной экологической сукцессии. По этим же причинам оказались затруднительны попытки определения активного ядра основного микробиома питьевых вод, предпринятые рядом исследователей [44, 45]. Тем не менее, специалистов привлекает направленный поиск закономерностей между изменением условий окружающей среды и динамикой структуры нативного микробного сообщества, прошедшего все этапы водоподготовки и транспортировки и дошедшего с питьевой водой до потребителя [23, 38, 50].

Выявление фекального загрязнения как в нативных природных, так и в питьевых водах является одной из важных составляющих санитарного контроля. Регистрация ОКБ, определяемых как «грамотрицательные, не образующие спор палочки, сбразивающие лактозу с образованием кислоты и газа при температуре $37\pm 0,5$ °C в течение 24-48 ч», позволяет судить об уровне фекального загрязнения воды. Однако в результате практического использования, выявлены аспекты, свидетельствующие о недостаточной надёжности качества питьевой воды в эпидемическом отношении, контролируемой по данному показателю. Подтверждением тому служат материалы Государственных докладов «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации главного государственного санитарного врача Российской Федерации» (2001–2019 гг.) [2, 3]. Установлено, что количество нестандартных проб по бактериологическим показателям с 2001 по 2010 гг. снизилось с 9,4 до 5,1%, однако, за это же время доля нестандартных проб с обнаружением возбудителей инфекционных заболеваний возросла в 2 раза [5]. Недавно в отечественной практике вместо термина «общие колиформные бактерии» был предложен - «обобщенные колиформные бактерии» с сохранением аббревиатуры ОКБ. Ожидается, что данный показатель, опирающийся на регистрацию, выросших на чашке грамотрицательных, оксидазоотрицательных колоний, способных ферментировать глюкозу до кислоты и газа, позволит выявлять все фекальные колиформы, включая патогенные бактерии, что даст возможность своевременно выявлять фекальное загрязнение воды, представляющее эпидемическую опасность. Однако практическую ценность данного показателя еще предстоит определить.

Кроме широко применяемых при определении загрязнения фекальных вод категорий группы колиформ (общие колиформы, фекальные колифор-

мы, *E. coli*), также используются кишечные стрептококки и спорообразующие бактерии (например, *Clostridium perfringens*). Тем не менее, в нескольких исследованиях были рассмотрены требования к оптимальным микробным индикаторам, которые отражают распространенность патогенов в пресноводных экосистемах с учетом специфичности хозяина, степени связи с фекальным загрязнением, устойчивости в окружающей среде [44]. Авторы приходят к выводу о том, что методы, основанные на культуре, склонны недооценивать риски для здоровья.

Не стоит также забывать, что при ряде вспышек кишечных заболеваний среди населения, связанных с употреблением питьевой воды, санитарно-микробиологические показатели были в норме. Поэтому с учетом значимости биобезопасности питьевой воды, особенно важна оценка ее санитарного состояния на всех этапах в совокупности, то есть от «водоисточника до крана».

В настоящее время ряд исследователей от количественных показателей обращается к качественным характеристикам. Наметилась тенденция к формированию экологического подхода, при котором системы водоснабжения рассматриваются как сложные микробные экосистемы, где микроорганизмы разных видов взаимодействуют в многоуровневых трофических сетях. Следуя этой тенденции, осуществляются попытки применения к микробным экосистемам питьевой воды концепции r/K-стратегии, заимствованной из макроэкологии [31]. В приложении к данной концепции, авторы считают, что в питьевой воде, присутствующее сообщество, состоит из K-стратегов, тогда как патогены и организмы-индикаторы скорее классифицируются как r-стратеги. Исходя из этого, направление бактериального сообщества в сторону K-стратегов за счет ограничения питательных веществ может способствовать достижению нормализации санитарных показателей воды. Это означает, что в рамках данной концепции необходимо стремиться к приведению микробного сообщества воды в состояние, устойчивое к инвазии и/или росту нежелательных микроорганизмов, и не обнаруживающее чрезмерного повторного роста во время распределения [21].

Другие исследователи предлагают опираться на трофические особенности микробиоценоза. Например, известно, что гетеротрофные представители составляют большинство в питьевой воде и черпают энергию за счет разложения органических соединений углерода. Показано, что концентрация органического углерода всего 1 мкг С/л достаточна для стимулирования/

обеспечения роста $10^3 - 10^4$ клеток/мл [72]. Таким образом, органический углерод, чаще всего является субстратом, лимитирующим рост микрофлоры, и потому особенно важен для биологической стабильности микробного сообщества. С учетом способности патогенов конкурировать за органический углерод, контроль доступного органического вещества может способствовать ограничению их роста [58].

На основании собственных исследований нами были предложены параметры, отражающие персистентные характеристики водной микрофлоры, описанные в работе [1]. По результатам проведенных исследований показано, что персистентные свойства микроорганизмов, позволяющие им переживать неблагоприятные условия и сохраняться на всех этапах водоподготовки, участвуют в регуляции сложного ансамбля симбиотических взаимодействий с микроорганизмами, а также водорослями и простейшими [7]. С одной стороны, это свидетельствует о высокой адаптивной пластичности микроорганизмов, обладающих подобными свойствами, а с другой – определение подобных признаков у водных изолятов микроорганизмов может служить более надежным критерием качества водоподготовки и подаваемой воды по сравнению с количественными показателями.

Определенный интерес представляют исследования с привлечением искусственного интеллекта, направленные на обогащение информацией о функционировании микробных сообществ в реальном времени на основании данных метагеномики, а также на разработку прогностических моделей водоочистки, водоподготовки и транспортировки по разводящим сетям. На результаты подобных исследований возлагаются надежды, связанные с выявлением закономерностей для совершенствования процессов обеспечения безопасности питьевой воды [50].

Серьезной проблемой, влияющей на качество обеспечения безопасности питьевого водоснабжения, является способность микроорганизмов к биопленкообразованию. Биопленки существенным образом изменяют состав микрофлоры воды, не позволяя реально оценить количественное распределение таксонов основного микробиома. В недавних работах показано, что системы распределения питьевой воды содержат биопленки даже при условии непрерывного присутствия дезинфицирующего средства [32].

Подобные образования являются источником планктонных бактерий, которые сохраняются, накапливаются и доходят до потребителя при подаче

воды через кран. По мнению ряда исследователей, качество воды из-под крана отражает историческую динамику популяции внутри сообщества, транспорт которой сопряжен со сложной сетью взаимодействий с окружением [54].

Механизмы, особенности существования микрофлоры в биопленках в системах питьевого водоснабжения изложены в подробном обзоре [47], где представлена обновленная информация в области развития биопленок, формирования устойчивости к антибиотикам, а также об участии механизмов quorum sensing (QS). В данном контексте имеет значение то, что функциональное исследование, в том числе с использованием маркеров гена *16S*, выявило участие сообществ биопленок в различных метаболических путях, таких как метаболизм азота, биодegradация ксенобиотиков, а также бактериальная секреция [20]. Рядом исследователей показано, что микробные сообщества, которые образуют биопленки на поверхностях инфраструктуры, управляют критическими процессами, существенно влияющими на качество воды [25]. Представленные факты подразумевают различные функциональные возможности микробных биопленок систем питьевого водоснабжения, которые еще предстоит изучить.

Важно отметить, что биопленки по-прежнему являются одним из триггеров, позволяющих большинству кишечных патогенов существовать в разводящей сети, приводя к микробному загрязнению питьевой воды патогенными микроорганизмами, ответственными за ряд заболеваний, передаваемых через воду. При этом для активации вирулентности и развития устойчивости к антибиотикам патогенные микроорганизмы используют механизмы QS, что подробно рассмотрено в работе [63]. Использование современных подходов мониторинга биопленок и контроля, включающих использование проточной цитометрии, генетических методов, позволило выявить постоянную адаптацию биопленки к различным факторам окружающей среды, например, температуре, остаткам дезинфицирующих средств, гидравлическим режимам, химическому составу воды и др. [27]. Тем не менее, ни одна практика до сих пор не представила достаточно эффективных подходов борьбы с биопленками.

Заключение

Таким образом, недостаток наличия чистой питьевой воды в мире вызывает растущую озабоченность, поэтому поиск подходов поддержания ее санитарной безопасности сохраняет свою актуальность.

Качество питьевой воды напрямую связано с состоянием природных

водных ресурсов, которое может быть обеспечено различными типами систем управления, включая: защиту водоисточников, уменьшение их загрязнения, поддержание и мониторинг стандартов качества воды, а также реализацию директив по обеспечению соблюдения соответствующих правил и норм. Исходя из этого, обеспечение качества воды нуждается в постоянном обновлении нормативной базы и институциональном процессе.

Имеющиеся к настоящему моменту материалы (в том числе, полученные с привлечением молекулярно-генетических методов исследования), расширяют представление о численности и структуре водных микробиоценозов и систем питьевого водоснабжения, но не определяют новые санитарные показатели. Культуральные методы лабораторной диагностики сохраняют свою востребованность. При этом применение количественных показателей оценки отслеживания загрязнения с помощью передовых и быстрых технологий не дает полной уверенности в безопасности питьевого водоснабжения. В связи с этим имеющиеся предложения по использованию наравне с количественными параметрами качественных показателей являются перспективными для более эффективного контроля и регуляции качества питьевой воды.

На основе анализа имеющихся материалов можно заключить, что при всем значительном продвижении вперед в области изучения жизни биопленок систем питьевого водоснабжения в целях успешной борьбы с ними необходимо более глубокое понимание внешних/внутренних стимулов, а также молекулярных событий, происходящих внутри данного динамичного многовидового консорциума.

Применительно к системам водоснабжения наметилась тенденция к формированию экологического подхода к оценке водной микробиоты, при котором она рассматриваются как сложное микробное сообщество, где микроорганизмы разных видов взаимодействуют в многоуровневых трофических сетях. Привлечение новых знаний к решению проблемы качества питьевой воды, несомненно, принесет существенный вклад.

ЛИТЕРАТУРА

1. Бухарин О.В., Немцева Н.В. Микробиология биоценозов природных водоемов, Екатеринбург: УрО РАН, 2008, 156 с.
2. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения Российской Федерации в 2014 году» М., 2015.
3. Государственный доклад «О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения Российской Федерации в 2017 году» М., 2018.

4. Дмитриева Р.А., Доскина Т.В., Загайнова А.В., Недачин А.Е., Абрамов И.А., Булатова К.В. Изучение циркуляции вирусов в воде поверхностных водоёмов и в сточных водах. Гигиена и санитария, 2019. 98 (11): 1201-1205.
5. Загайнова А.В., Трухина Г.М., Рахманин Ю.А., Артемова Т.З., Сухина М.А. Обоснование введения индикаторных показателей «Обобщённые колиформные бактерии» и «*Escherichia coli*» в систему санитарно-эпидемиологического контроля безопасности питьевой воды. Гигиена и санитария, 2020. 99 (12): 1353:1359.
6. Коллиер С. *Центры по контролю и профилактике заболеваний (CDC)* <https://www.naccho.org/blog/articles/cdcs-burden-of-waterborne-disease-estimates>
7. Немцева Н.В., Бухарин О.В. Биопленкообразование и антилизоцимная активность микроорганизмов для оценки качества природных и питьевых вод. ВОДА Magazine, 2018. 128 (4): 34-37.
8. Онищенко Г.Г. Эпидемиологическое благополучие населения России. Журн. микробиол., эпидемил. и иммунобиол., 2013. (1): 42–51.
9. Прогресс в области питьевой воды, санитарии и гигиены: обновление и исходные данные для целей устойчивого развития. WHO and UNICEF. Женева, 2017.
10. Резолюция 64/292 Генеральной Ассамблеи Организации Объединенных Наций, 2010.
11. СанПиН 1.2.3685-21. «Гигиенические нормативы и требования к обеспечению безопасности и (или) безвредности для человека факторов среды обитания» (Зарегистрировано в Минюсте России 29.01.2021 N 62296)
12. Ashbolt N. J. Microbial Contamination of Drinking Water and Human Health from Community Water Systems. *Curr Envir Health Rpt.*, 2015. 2:95–106
13. Balboa S., Mauricio-Iglesias M., Rodríguez S., Martínez-Lamas L., Vasallo F.J., Regueiro B., Lema J.M. The fate of SARS-CoV-2 in wastewater treatment plants points out the sludge line as a suitable spot for incidence monitoring. *Sci Total Environ.*, 2021. 772(10): 145268.
14. Baribeau H. Chapter 6: Growth and inactivation of nitrifying bacteria. In: *Fundamentals and control of nitrification in chloraminated drinking water distribution systems. Manual of water supply practices – M56*. 1st edition. American Water Works Association, Denver, Colorado, 2006: 99–127.
15. Bautista-de los Santos Q. M., Schroeder J. L., Sevillano-Rivera M. C., Sungthong R., Ijaz U. Z., Sloan W.T., Pinto A. J. Emerging investigators series: Microbial communities in full-scale drinking water distribution systems – A meta-analysis. *Environmental Science Water Research & Technology*, 2016. 2(4): 631-644.
16. Borusiak B., Szymkowiak A., Pieranski B., Szalonka K. The Impact of Environmental Concern on Intention to Reduce Consumption of Single-Use Bottled Water. *Energies*, 2021. (14): 1985.
17. Brown C.T., Hug L.A., Thomas B.C., Sharon I., Castelle C.J., Singh, A., Wilkins, M.J., Wrighton, K.C., Williams, K.H., Banfield J.F. Unusual biology across a group comprising more than 15% of domain Bacteria. *Nature*, 2015, 523:7559.
18. Bruno A., Agostinetto G, Fumagalli S, Ghisleni G, Sandionigi A. It's a Long Way to the Tap: Microbiome and DNA-Based Omics at the Core of Drinking Water Quality. *Int J Environ Res Public Health*. 2022. 19(13):7940.
19. Cahill N., Morris D. Recreational waters – A potential transmission route for SARS-CoV-2 to humans? *Science of the Total Environment*, 2020.740:140122.
20. Chan S., Pullerits K., Keucken A., Persson K. M., Paul C. J., Rådström P. Bacterial release from pipe biofilm in a full-scale drinking water distribution system. *NPJ Biofilms Microbiomes*, 2019. (5): 9.
21. Chatzigiannidou I., Props R., Boon N. Drinking water bacterial communities exhibit specific and selective necrotrophic growth. *npj Clean Water*, 2018. (1):22.
22. Chavarria-Miró G., Anfruns-Estrada E., Martínez-Velázquez A., Vázquez-Portero M., Guix S., Paraira M., Galofré B., Sánchez G., Pintó R. M., Bosch A. Time Evolution of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) in Wastewater during

- the First Pandemic Wave of COVID-19 in the Metropolitan Area of Barcelona, Spain // *Appl. Environ. Microbiol.*, 2021.87 (7): e02750-20.
23. Dai Z., Sevillano-Rivera M. C., Calus S. T., Bautista-de los Santos Q. M., Eren A. M., van der Wielen P. W. J. J., Ijaz U. Z., Pinto A. J. Disinfection exhibits systematic impacts on the drinking water microbiome. *Microbiome*, 2020. 8:42.
 24. Díez J. R., Antigüedad I., Agirre E., Rico A. Perceptions and Consumption of Bottled Water at the University of the Basque Country: Showcasing Tap Water as the Real Alternative towards a Water-Sustainable University. *Sustainability* 2018, 10(10):3431.
 25. Douterelo I., Sharpe R. L., Husband S., Fish K E., Boxall J. B. Understanding microbial ecology to improve management of drinking water distribution systems. *WIREsWater*. 2019, (6): e1325.
 26. du Plessis A. Persistent degradation: Global water quality challenges and required actions. *One earth*, 2022. 5(2): 129-131.
 27. Duong H., Park J. W., Kim S.-Y., Maeng S. K. Advanced biomass formation potential of pipe materials for drinking water distribution systems: A semi-automated biomass formation potential. *Journal of Cleaner Production*, 2023. 417: 138004.
 28. Ebacher G., Besner M.C., Clément B., Prévost M. Sensitivity analysis of some critical factors affecting simulated intrusion volumes during a low pressure transient event in a full-scale water distribution System. *Water Res.*, 2012.46(13): 4017–30.
 29. El-Chakhtoura J., Saikaly P.E., Van Loosdrecht M.C.M., Vrouwenvelder J.S., Impact of distribution and network flushing on the drinking water microbiome. *Front.Microbiol.*, 2018. (9): 1–13.
 30. Farhat N., Kim L.H., Vrouwenvelde J.S. Online characterization of bacterial processes in drinking water systems. *npj Clean Water*, 2020. 3(1):16.
 31. Favere J., Barbosa R.G., Sleutels T., Verstraete W., De Gusseme B., Boon N. Safeguarding the microbial water quality from source to tap. *NPJ Clean Water*, 2021. (4):28.
 32. Fish K.E. and Boxall J.B. Biofilm Microbiome (Re)Growth Dynamics in Drinking Water Distribution Systems Are Impacted by Chlorine Concentration. *Front. Microbiol.*, 2018. 9:2519.
 33. Foladori P., Cutrupi F., Segata N., Manara S., Pinto F., Malpei F., Bruni L., La Rosa G. SARS-CoV-2 from faeces to wastewater treatment: What do we know? A review. *Sci Total Environ.*, 2020. 743(15):140444.
 34. Guidelines for Drinking-water Quality, Fourth Edition. World Health Organization Guidelines for Drinking Water Quality. WHO, Geneva, Switzerland. Available from: http://www.who.int/water_sanitation_health/dwq/gdwq3_es_full_lowres.pdf?ua=1 (accessed 15 July 2019)
 35. Haig S., Kotlarz N., Lipuma J.J., Raskin L. A High-Throughput Approach for Identification of Nontuberculous Mycobacteria in Drinking Water Reveals Relationship between Water Age and Mycobacterium avium. *MBio*, 2018. 9: e 02354-17.
 36. Hammes F., Berney M., Wang Y., Vital M., Koester O., Egli T. Flow-cyto-metric total bacterial cell counts as a descriptive microbiological parameter for drinking water treatment processes. *Water Res.*, 2008. 42 (1-2): 269-277.
 37. Hayward C., Ross K.E., Brown M.H., Bentham R., Whiley H. The Presence of Opportunistic Premise Plumbing Pathogens in Residential Buildings: A Literature Review. *Water*, 2022 14:1129.
 38. Hull N.M., Holinger E.P., Ross K.A., Robertson C.E., Harris J.K., Stevens M.J., Pace N.R. Longitudinal and source-to-tap new Orleans, LA, USA drinkingwater microbiology. *Environ. Sci. Technol.*, 2017. 51 (8):4220-4229.
 39. Hull N.M., Ling F., Pinto A.J., Albertsen M., Jang H.G., Hong P.-Y., Konstantinidis K.T., LeChevallier M., Colwell R.R., Liu W.-T. Drinkingwater microbiome Project: is it time? *Trends Microbiol.*, 2019. 27 (8):670-677.
 40. Jiang T., Sun S., Chen Y., Qian Y., Guo J., Dai R., An D. Microbial diversity characteristics

- and the influence of environmental factors in a large drinking-water source. *Sci Total Environ.*, 2021. 769:144698.
41. Joukar F., Kalurazi T. Y., Khoshsorour M., Taramian S., Mahfoozi L., Balou H. A., Jafarinezhad A., Pourkazem i A., Hesni E., Asgharnezhad M., Shenagari M., Jahanzad I., Naghipour M., Maroufizadeh S., Mansour-Ghanae F. Persistence of SARS-CoV-2 RNA in the nasopharyngeal, blood, urine, and stool samples of patients with COVID-19: a hospital-based longitudinal study // *Virolog. J.*, 2021. 18(1):134.
 42. Lambertini E., Borchardt M.A., Kieke Jr B.A., Spencer S.K., Loge F.J. Risk of viral acute gastrointestinal illness from nondisinfected drinking water distribution systems. *Environ Sci Technol.*, 2012. 46(17):9299–9307.
 43. Lescure F.-X., Bouadma L., Nguyen D., Parisey M., Wicky P.-H., Behillil S., Gaymard A., Bouscambert-Duchamp M., Donati F., Le Hingrat Q., Enouf V., Houhou-Fidouh N., Valette M., Mailles A., Lucet J.-C., Mentre F., Duval X., Descamps D., Malvy D., Timsit J.-F. Lina B., Van-der-Werf S., Yazdanpanah Y. Clinical and virological data of the first cases of COVID-19 in Europe: a case series. *Lancet Infect. Dis.*, 2020. 20(6):697-706.
 44. Li E., Saleem F., Edge T.A., Schellhorn H.E. Biological Indicators for Fecal Pollution Detection and Source Tracking: A Review. *Processes*, 2021. 9:2058.
 45. Ling F., Hwang C., LeChevallier M. W., Andersen G. L., Liu W. T. Core-satellite populations and seasonality of water meter biofilms in a metropolitan drinking water distribution system// *The ISME Journal*, 2016.10: 582–595.
 46. Ling F., Whitaker R., LeChevallier M. W., Liu W.-T. Drinking water microbiome assembly induced by water stagnation. *The ISME Journal*, 2018. 12:1520–1531.
 47. Liu S., Gunawan C., Barraud N., Rice S. A., Harry E. J., Amal R. (2016). Understanding, Monitoring, and Controlling Biofilm Growth in Drinking Water Distribution Systems. *Environmental Science & Technology*, 50(17):8954–8976.
 48. Liu T., Kong W., Chen N., Zhu J., Wang J., He X., Jin Y. Bacterial characterization of Beijing drinking water by flow cytometry and MiSeq sequencing of the 16S rRNA gene. *Ecol Evol.*, 2016. 6(4): 923–934.
 49. Luef, B.; Frischkorn, K.R.; Wrighton, K.C.; Holman, H.Y.N.; Birarda, G.; Thomas, B.C.; Singh, A.; Williams, K.H.; Siegerist, C.E.; Tringe, S.G.; et al. Diverse uncultivated ultra-small bacterial cells in groundwater. *Nat. Commun.*, 2015. 6:6372.
 50. Mahajna A., Dinkla I.J.T., Euverink G.J.W., Keesman K.J. and Jayawardhana B. Clean and Safe Drinking Water Systems via Metagenomics Data and Artificial Intelligence: State-of-the-Art and Future Perspective. *Front. Microbiol.*, 2022. 13:832452.
 51. Neu L., Hammes F. Feeding the Building Plumbing Microbiome: The Importance of Synthetic Polymeric Materials for Biofilm Formation and Management// *Water* 2020, 12:1774.
 52. Ondieki J.K., Akunga D.N., Warutere P.N., Kenya O. Bacteriological and physico-chemical quality of household drinking water in Kisii Town, Kisii County, Kenya. *Heliyon*, 2021. (7): e06937.
 53. Osuolale O., Okoh A. Human enteric bacteria and viruses in five wastewater treatment plants in the Eastern Cape, South Africa. *J Infect Public Heal.*, 2017. 10 (5): 541–547.
 54. Papciak D., Domoń A., Zdeb M., Tchórzewska-Cieślak B., Konkol J., Sočo E. Mechanism of Biofilm Formation on Installation Materials and Its Impact on the Quality of Tap Water. *Water*, 2022. 14(15):2401.
 55. Paruch L., Paruch A.M., Eiken H.G., Sørheim R. Faecal pollution affects abundance and diversity of aquatic microbial community in anthropogenically influenced lotic ecosystems. *Scientific Reports*, 2019. 9:19469.
 56. Payares B. M. B., Villasmil K. J. F., Matos L. C. R., Larreal A. G. Á., Barboza Y., Levy A. Calidad microbiológica del agua potable envasada en bolsas y botellas que se venden en la ciudad de Maracaibo, estado Zulia-Venezuela. (Physicochemical and microbiological quality of the swimming pool water of two recreational complexes in Zulia State). *Multiciencias*, 2013. 13 (1):16 – 22.

57. Pinar-Méndez A., Wangensteen O.S., Præbel K., Galofré B., Méndez J., Blanch A.R., García-Aljaro C. Monitoring Bacterial Community Dynamics in a Drinking Water Treatment Plant: An Integrative Approach Using Metabarcoding and Microbial Indicators in Large Water Volumes. *Water*, 2022. 14:1435.
58. Prest EI, Hammes F, van Loosdrecht MC, Vrouwenvelder JS. Biological Stability of Drinking Water: Controlling Factors, Methods, and Challenges. *Front Microbiol.*, 2016. 1(7):45.
59. Ramírez-Castillo F. Y., Loera-Muro A., Jacques M., Garneau P., Avelar-González F. J., Harel J., Guerrero-Barrera A.L. Waterborne Pathogens: Detection Methods and Challenges. *Pathogens*, 2015. (4): 307-334.
60. Ravanbakhsh M., Ravanbakhsh M., Jamali H.A., Ranjbaran M., Shahsavari S., Fard N.J.H. The effects of storage time and sunlight on microplastic pollution in bottled mineral water// *Water Environ J.*, 2023. 37:206–217.
61. Revetta R. P., Pemberton A., Lamendella R., Iker B., Santo Domingo J. W. Identification of bacterial populations in drinking water using 16S rRNA-based sequence analyses, *Water research*, 2010. 44:1353–1360,
62. Rezvani Ghalhari M., Kalteh S., Asgari Tarazooj F., Zeraatkar A., Mahvi A.H. Health risk assessment of nitrate and fluoride in bottled water: a case study of Iran. *Environ Sci Pollut Res Int.*, 2021. 28(35):48955-48966.
63. Saxena P, Joshi Y, Rawat K, Bisht R. Biofilms: Architecture, Resistance, Quorum Sensing and Control Mechanisms. *Indian J Microbiol.*, 2019. 59(1):3-12.
64. Shade A., Handelsman J. Beyond the Venn diagram: The hunt for a core microbiome// *Environmental Microbiology*, 2012. 14(1), 4–12.
65. Soler P., Moreno-Mesonero L., Zornoza A., Macián V. J., Moreno Y. Characterization of eukaryotic microbiome and associated bacteria communities in a drinking water treatment plant // *Science of the Total Environment*, 2021. 797: 149070.
66. Sun H., He X., Ye L., Zhang X. X., Wu B., Ren H. Diversity, abundance, and possible sources of fecal bacteria in the Yangtze River // *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 2017.101: 2143–2152.
67. The United Nations world water development report 2021: valuing water. UNESCO: Printed by UNESCO, Paris. 2021, 187 s
68. Thom C., Smith C.J., Moore G., Weir P., Ijaz U.Z. Microbiomes in drinking water treatment and distribution: A meta-analysis from source to tap. *Water Res.*, 2022. 212:118106.
69. Thomas J. M., Ashbolt N. J. Do free-living Amoebae in treated drinking water systems present an emerging health risk? *Environ. Sci. Technol.*, 2011. 45:860–869.
70. Van Nevel S., Koetzsch S., Proctor C.R., Besmer M.D., Prest E.I., Vrouwenvelder J.S., Knezev A., Boon N., Hammes F. Flow cytometric bacterial cell counts challenge conventional heterotrophic plate counts for routine microbiological drinking water monitoring // *Water Research*, 2017.113:191-206.
71. Vargha M., Róka E., Erdélyi N., Németh K., Nagy-Kovács Z., Kós P. B., Engloner A. I. From Source to Tap: Tracking Microbial Diversity in a Riverbank Filtration-Based Drinking Water Supply System under Changing Hydrological Regimes. *Diversity*, 2023. 15(5):621.
72. Vital M., Dignum M., Magic-Knezev A., Ross P., Rietveld L., Hammes F. Flow cytometry and adenosine tri-phosphate analysis: alternative possibilities to evaluate major bacteriological changes in drinking water treatment and distribution systems. *Water Res.*, 2012. 46:4665–4676.
73. Wang H., Edwards M.A., Falkinham J.O.III, Pruden A.(2013a).Probiotic approach to pathogen control in premise plumbing systems? A review. *Environ. Sci.Technol.*, 2013. 47: 10117–10128.
74. Zhang N., Gong Y., Meng F., Bi Y., Yang P., Wang F. Virus shedding patterns in nasopharyngeal and fecal specimens of COVID-19 patients. *Sci. China Life Sci.*, 2020. (5):1–3.
75. Zhang, Y.; Liu, W.-T. The application of molecular tools to study the drinking water microbiome – Current understanding and future needs. *Crit. Rev. Environ. Sci. Technol.*, 2019. 49

(13): 1188–1235.

76. Zhou W., Li W., Chen J., Zhou Y., Wei Z., Gong L. Microbial diversity in full-scale water supply systems through sequencing technology: a review. *RSC Adv.*, 2021, 11: 25484-25496.

Поступила 16.09.2023

(Контактная информация: Немцева Наталия Вячеславовна – доктор медицинских наук, ведущий научный сотрудник лаборатории биомедицинских технологий, Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН, Оренбургский федеральный исследовательский центр УрО РАН; адрес: Россия, 460000, г. Оренбург, ул. Пионерская, 11; моб. тел. 8-903-398-78-11; e-mail: nvnemtseva@gmail.com)

REFERENCES

1. Bukharin O.V., Nemtseva N.V. Microbiology of biocenoses of natural reservoirs, Ekaterinburg: Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 2008, 156 p.
2. State report “On the state of sanitary and epidemiological well-being of the population of the Russian Federation in 2014” M., 2015.
3. State report “On the state of sanitary and epidemiological well-being of the population of the Russian Federation in 2017” M., 2018.
4. Dmitrieva R.A., Doskina T.V., Zagainova A.V., Nedachin A.E., Abramov I.A., Bulatova K.V. Study of the circulation of viruses in surface water and wastewater // *Hygiene and Sanitation*, 2019. 98 (11): 1201-1205.
5. Zagainova A.V., Trukhina G.M., Rakhmanin Yu.A., Artemova T.Z., Sukhina M.A. Rationale for introducing indicators “Generalized coliform bacteria” and “Escherichia coli” into the system of sanitary and epidemiological control of drinking water safety // *Hygiene and Sanitation*, 2020. 99 (12): 1353: 1359.
6. Collier S. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) <https://www.naccho.org/blog/articles/cdcs-burden-of-waterborne-disease-estimates>
7. Nemtseva N.V., Bukharin O.V. Biofilm formation and antilysozyme activity of microorganisms for assessing the quality of natural and drinking waters. *WATER Magazine*, 2018. 128 (4):34-37.
8. Onishchenko G.G. Epidemiological well-being of the population of Russia // *Journal. microbiol., epidemiol. and Immunobiol.*, 2013. (1):42–51.
9. Progress on drinking water, sanitation and hygiene: update and baseline for sustainable development goals. WHO and UNICEF. Geneva, 2017.
10. United Nations General Assembly Resolution 64/292, 2010.
11. SanPiN 1.2.3685-21. “Hygienic standards and requirements for ensuring the safety and (or) harmlessness of environmental factors for humans” (Registered with the Ministry of Justice of Russia on January 29, 2021 N 62296).
12. Ashbolt N. J. Microbial Contamination of Drinking Water and Human Health from Community Water Systems// *Curr Envir Health Rpt.*, 2015. 2:95–106
13. Balboa S., Mauricio-Iglesias M., Rodríguez S., Martínez-Lamas L., Vasallo F.J., Regueiro B., Lema J.M. The fate of SARS-CoV-2 in wastewater treatmentplants points out the sludge line as a suitable spot for incidence monitoring // *Sci Total Environ.*, 2021. 772(10):145268.
14. Baribeau H. Chapter 6: Growth and inactivation of nitrifying bacteria. In: *Fundamentals and control of nitrification in chloraminated drinking water distribution systems. Manual of water supply practices – M56*. 1st edition. American Water Works Association, Denver, Colorado, 2006:99–127.
15. Bautista-de los Santos Q. M., Schroeder J. L., Sevillano-Rivera M. C., Sungthong R., Ijaz U. Z., Sloan W.T., Pinto A. J. Emerging investigators series: Microbial communities in full-scale drinking water distribution systems – A meta-analysis// *Environmental*

- Science Water Research & Technology, 2016. 2(4):631-644.
16. Borusiak B., Szymkowiak A., Pieranski B., Szalonka K. The Impact of Environmental Concern on Intention to Reduce Consumption of Single-Use Bottled Water. *Energies*, 2021. (14): 1985.
 17. Brown C.T., Hug L.A., Thomas B.C., Sharon I., Castelle C.J., Singh, A., Wilkins, M.J., Wrighton, K.C., Williams, K.H., Banfield J.F. Unusual biology across a group comprising more than 15% of domain Bacteria. *Nature*, 2015, 523:7559.
 18. Bruno A., Agostinetto G, Fumagalli S, Ghisleni G, Sandionigi A. It's a Long Way to the Tap: Microbiome and DNA-Based Omics at the Core of Drinking Water Quality. *Int J Environ Res Public Health*. 2022. 19(13):7940.
 19. Cahill N., Morris D. Recreational waters – A potential transmission route for SARS-CoV-2 to humans? *Science of the Total Environment*, 2020.740:140122.
 20. Chan S., Pullerits K., Keucken A., Persson K. M., Paul C. J., Rådström P. Bacterial release from pipe biofilm in a full-scale drinking water distribution system. *NPJ Biofilms Microbiomes*, 2019. (5):9.
 21. Chatzigiannidou I., Props R., Boon N. Drinking water bacterial communities exhibit specific and selective necrotrophic growth. *npj Clean Water*, 2018. (1):22.
 22. Chavarria-Miró G., Anfruns-Estrada E., Martínez-Velázquez A., Vázquez-Portero M., Guix S., Paraira M., Galofré B., Sánchez G., Pintó R. M., Bosch A. Time Evolution of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) in Wastewater during the First Pandemic Wave of COVID-19 in the Metropolitan Area of Barcelona, Spain // *Appl. Environ. Microbiol.*, 2021.87 (7): e02750-20.
 23. Dai Z., Sevillano-Rivera M. C., Calus S. T., Bautista-de los Santos Q. M., Eren A. M., van der Wielen P. W. J. J., Ijaz U. Z., Pinto A. J. Disinfection exhibits systematic impacts on the drinking water microbiome. *Microbiome*, 2020. 8:42.
 24. Díez J. R., Antigüedad I., Agirre E., Rico A. Perceptions and Consumption of Bottled Water at the University of the Basque Country: Showcasing Tap Water as the Real Alternative towards a Water-Sustainable University. *Sustainability* 2018, 10(10):3431.
 25. Douterelo I., Sharpe R.L., Husband S., Fish K.E., Boxall J.B. Understanding microbial ecology to improve management of drinking water distribution systems. *WIREsWater*. 2019, (6):e1325.
 26. du Plessis A. Persistent degradation: Global water quality challenges and required actions// *One earth*, 2022. 5(2):129-131.
 27. Duong H., Park J. W., Kim S.-Y., Maeng S. K. Advanced biomass formation potential of pipe materials for drinking water distribution systems: A semi-automated biomass formation potential. *Journal of Cleaner Production*, 2023. 417:138004.
 28. Ebacher G., Besner M.C., Clément B., Prévost M. Sensitivity analysis of some critical factors affecting simulated intrusion volumes during a low pressure transient event in a full-scale water distribution System // *Water Res.*, 2012.46(13):4017–30.
 29. El-Chakhtoura J., Saikaly P.E., Van Loosdrecht M.C.M., Vrouwenvelder J.S., Impact of distribution and network flushing on the drinking water microbiome. *Front.Microbiol.*, 2018. (9): 1–13.
 30. Farhat N., Kim L.H., Vrouwenvelder J. S. Online characterization of bacterial processes in drinking water systems. *npj Clean Water*, 2020. 3(1):16.
 31. Favere J., Barbosa R.G., Sleutels T., Verstraete W., De Gusseme B., Boon N. Safeguarding the microbial water quality from source to tap. *NPJ Clean Water*, 2021. (4):28.
 32. Fish K.E. and Boxall J.B. Biofilm Microbiome (Re)Growth Dynamics in Drinking Water Distribution Systems Are Impacted by Chlorine Concentration. *Front. Microbiol.*, 2018. 9:2519.
 33. Foladori P., Cutrupi F., Segata N., Manara S., Pinto F., Malpei F., Bruni L., La Rosa G. SARS-CoV-2 from faeces to wastewater treatment: What do we know? A review. *Sci Total Environ.*, 2020. 743(15):140444.

34. Guidelines for Drinking-water Quality, Fourth Edition. World Health Organization Guidelines for Drinking Water Quality. WHO, Geneva, Switzerland. Available from: http://www.who.int/water_sanitation_health/dwq/gdwq3_es_full_lowres.pdf?ua=1 (accessed 15 July 2019)
35. Haig S., Kotlarz N., Lipuma J.J., Raskin L. A High-Throughput Approach for Identification of Nontuberculous Mycobacteria in Drinking Water Reveals Relationship between Water Age and Mycobacterium avium. *MBio*, 2018. 9:e 02354-17.
36. Hammes F., Berney M., Wang Y., Vital M., Koester O., Egli T. Flow-cyto-metric total bacterial cell counts as a descriptive microbiological parameter for drinking water treatment processes // *Water Res.*, 2008. 42 (1-2):269-277.
37. Hayward C., Ross K.E., Brown M.H., Bentham R., Whiley H. The Presence of Opportunistic Premise Plumbing Pathogens in Residential Buildings: A Literature Review. *Water*, 2022 14:1129.
38. Hull N.M., Holinger E.P., Ross K.A., Robertson C.E., Harris J.K., Stevens M.J., Pace N.R. Longitudinal and source-to-tap new Orleans, LA, USA drinking water microbiology. *Environ. Sci. Technol.*, 2017. 51 (8):4220-4229.
39. Hull N.M., Ling F., Pinto A.J., Albertsen M., Jang H.G., Hong P.-Y., Konstantinidis K.T., LeChevallier M., Colwell R.R., Liu W.-T. Drinking water microbiome Project: is it time? *Trends Microbiol.*, 2019. 27 (8):670-677.
40. Jiang T., Sun S., Chen Y., Qian Y., Guo J., Dai R., An D. Microbial diversity characteristics and the influence of environmental factors in a large drinking-water source. *Sci Total Environ.*, 2021. 769:144698.
41. Joukar F., Kalurazi T. Y., Khoshsorour M., Taramian S., Mahfoozi L., Balou H. A., Jafarinezhad A., Pourkazem i A., Hesni E., Asgharnezhad M., Shenagari M., Jahanzad I., Naghipour M., Maroufizadeh S., Mansour-Ghanea F. Persistence of SARS-CoV-2 RNA in the nasopharyngeal, blood, urine, and stool samples of patients with COVID-19: a hospital-based longitudinal study // *Virol. J.*, 2021. 18(1):134.
42. Lambertini E., Borchardt M.A., Kieke Jr B.A., Spencer S.K., Loge F.J. Risk of viral acute gastrointestinal illness from nondisinfected drinking water distribution systems. *Environ Sci Technol.*, 2012. 46(17):9299–9307.
43. Lescure F.-X., Bouadma L., Nguyen D., Parisey M., Wicky P.-H., Behillil S., Gaymard A., Bouscambert-Duchamp M., Donati F., Le Hingrat Q., Enouf V., Houhou-Fidouh N., Valette M., Mailles A., Lucet J.-C., Mentre F., Duval X., Descamps D., Malvy D., Timsit J.-F., Lina B., Van-der-Werf S., Yazdanpanah Y. Clinical and virological data of the first cases of COVID-19 in Europe: a case series. *Lancet Infect. Dis.*, 2020. 20(6):697-706.
44. Li E., Saleem F., Edge T.A., Schellhorn H.E. Biological Indicators for Fecal Pollution Detection and Source Tracking: A Review. *Processes*, 2021. 9:2058.
45. Ling F., Hwang C., LeChevallier M.W., Andersen G.L., Liu W.T. Core-satellite populations and seasonality of water meter biofilms in a metropolitan drinking water distribution system. *The ISME Journal*, 2016.10: 582–595.
46. Ling F., Whitaker R., LeChevallier M. W., Liu W.-T. Drinking water microbiome assembly induced by water stagnation. *The ISME Journal*, 2018. 12:1520–1531.
47. Liu S., Gunawan C., Barraud N., Rice S. A., Harry E. J., Amal R. (2016). Understanding, Monitoring, and Controlling Biofilm Growth in Drinking Water Distribution Systems. *Environmental Science & Technology*, 50(17):8954–8976.
48. Liu T., Kong W., Chen N., Zhu J., Wang J., He X., Jin Y. Bacterial characterization of Beijing drinking water by flow cytometry and MiSeq sequencing of the 16S rRNA gene. *Ecol Evol.*, 2016. 6(4): 923–934.
49. Luef, B.; Frischkorn, K.R.; Wrighton, K.C.; Holman, H.Y.N.; Birarda, G.; Thomas, B.C.; Singh, A.; Williams, K.H.; Siegerist, C.E.; Tringe, S.G.; et al. Diverse uncultivated ultra-small bacterial cells in groundwater. *Nat. Commun.*, 2015. 6: 6372.
50. Mahajna A., Dinkla I.J.T., Euverink G.J.W., Keesman K.J. and Jayawardhana B. Clean and

- Safe Drinking Water Systems via Metagenomics Data and Artificial Intelligence: State-of-the-Art and Future Perspective. *Front. Microbiol.*, 2022. 13:832452.
51. Neu L., Hammes F. Feeding the Building Plumbing Microbiome: The Importance of Synthetic Polymeric Materials for Biofilm Formation and Management. *Water* 2020, 12: 1774.
 52. Ondieki J.K., Akunga D.N., Warutere P.N., Kenyana O. Bacteriological and physico-chemical quality of household drinking water in Kisii Town, Kisii County, Kenya. *Heliyon*, 2021. (7): e06937.
 53. Osuolale O., Okoh A. Human enteric bacteria and viruses in five wastewater treatment plants in the Eastern Cape, South Africa. *J Infect Public Heal.*, 2017. 10 (5): 541–547.
 54. Papciak D., Domoń A., Zdeb M., Tchórzewska-Cieślak B., Konkol J., Sočo E. Mechanism of Biofilm Formation on Installation Materials and Its Impact on the Quality of Tap Water. *Water*, 2022. 14(15):2401.
 55. Paruch L., Paruch A.M., Eiken H.G., Sørheim R. Faecal pollution affects abundance and diversity of aquatic microbial community in anthropogenically influenced lotic ecosystems. *Scientific Reports*, 2019. 9:19469.
 56. Payares B.M.B., Villasmil K.J.F., Matos L.C.R., Larreal A.G.Á., Barboza Y., Levy A. Calidad microbiológica del agua potable envasada en bolsas y botellas que se venden en la ciudad de Maracaibo, estado Zulia-Venezuela. (Physicochemical and microbiological quality of the swimming pool water of two recreational complexes in Zulia State). *Multiciencias*, 2013. 13 (1):16 – 22.
 57. Pinar-Méndez A., Wangensteen O.S., Præbel K., Galofré B., Méndez J., Blanch A.R., García-Aljaro C. Monitoring Bacterial Community Dynamics in a Drinking Water Treatment Plant: An Integrative Approach Using Metabarcoding and Microbial Indicators in Large Water Volumes. *Water*, 2022. 14:1435.
 58. Prest EI, Hammes F, van Loosdrecht MC, Vrouwenvelder JS. Biological Stability of Drinking Water: Controlling Factors, Methods, and Challenges. *Front Microbiol.*, 2016. 1(7): 45.
 59. Ramírez-Castillo F. Y., Loera-Muro A., Jacques M., Garneau P., Avelar-González F. J., Harel J., Guerrero-Barrera A.L. Waterborne Pathogens: Detection Methods and Challenges. *Pathogens*, 2015. (4): 307-334.
 60. Ravanbakhsh M., Ravanbakhsh M., Jamali H.A., Ranjbaran M., Shahsavari S., Fard N.J.H. The effects of storage time and sunlight on microplastic pollution in bottled mineral water. *Water Environ J.*, 2023. 37: 206–217.
 61. Revetta R. P., Pemberton A., Lamendella R., Iker B., Santo Domingo J. W. Identification of bacterial populations in drinking water using 16S rRNA-based sequence analyses. *Water research*, 2010. 44:1353–1360,
 62. Rezvani Ghalhari M., Kalteh S., Asgari Tarazooj F., Zeraatkar A., Mahvi A.H. Health risk assessment of nitrate and fluoride in bottled water: a case study of Iran. *Environ Sci Pollut Res Int.*, 2021. 28(35):48955-48966.
 63. Saxena P, Joshi Y, Rawat K, Bisht R. Biofilms: Architecture, Resistance, Quorum Sensing and Control Mechanisms. *Indian J Microbiol.*, 2019. 59(1):3-12.
 64. Shade A., Handelsman J. Beyond the Venn diagram: The hunt for a core microbiome. *Environmental Microbiology*, 2012. 14(1), 4–12.
 65. Soler P., Moreno-Mesonero L., Zornoza A., Macián V. J., Moreno Y. Characterization of eukaryotic microbiome and associated bacteria communities in a drinking water treatment plant. *Science of the Total Environment*, 2021. 797: 149070.
 66. Sun H., He X., Ye L., Zhang X. X., Wu B., Ren H. Diversity, abundance, and possible sources of fecal bacteria in the Yangtze River. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 2017.101: 2143–2152.
 67. The United Nations world water development report 2021: valuing water. UNESCO: Printed by UNESCO, Paris. 2021, 187 s.
 68. Thom C., Smith C.J., Moore G., Weir P., Ijaz U.Z. Microbiomes in drinking water treatment and distribution: A meta-analysis from source to tap. *Water Res.*, 2022. 212: 118106.

69. Thomas J. M., Ashbolt N. J. Do free-living Amoebae in treated drinking water systems present an emerging health risk? *Environ. Sci. Technol.*, 2011. 45:860–869.
70. Van Nevel S., Koetzsch S., Proctor C.R., Besmer M.D., Prest E.I., Vrouwenvelder J.S., Knezev A., Boon N., Hammes F. Flow cytometric bacterial cell counts challenge conventional heterotrophic plate counts for routine microbiological drinking water monitoring. *Water Research*, 2017. 113:191-206.
71. Vargha M., Róka E., Erdélyi N., Németh K., Nagy-Kovács Z., Kós P. B., Engloner A. I. From Source to Tap: Tracking Microbial Diversity in a Riverbank Filtration-Based Drinking Water Supply System under Changing Hydrological Regimes. *Diversity*, 2023. 15(5):621.
72. Vital M., Dignum M., Magic-Knezev A., Ross P., Rietveld L., Hammes F. Flow cytometry and adenosine tri-phosphate analysis: alternative possibilities to evaluate major bacteriological changes in drinking water treatment and distribution systems. *Water Res.*, 2012. 46:4665–4676.
73. Wang H., Edwards M.A., Falkinham J.O.III, Pruden A.(2013a). Probiotic approach to pathogen control in premise plumbing systems? A review. *Environ. Sci. Technol.*, 2013. 47: 10117–10128.
74. Zhang N., Gong Y., Meng F., Bi Y., Yang P., Wang F. Virus shedding patterns in nasopharyngeal and fecal specimens of COVID-19 patients. *Sci. China Life Sci.*, 2020. (5): 1–3.
75. Zhang, Y.; Liu, W.-T. The application of molecular tools to study the drinking water microbiome – Current understanding and future needs. *Crit. Rev. Environ. Sci. Technol.*, 2019. 49 (13):1188–1235.
76. Zhou W., Li W., Chen J., Zhou Y., Wei Z., Gong L. Microbial diversity in full-scale water supply systems through sequencing technology: a review. *RSC Adv.*, 2021, 11:25484-25496.

Образец ссылки на статью:

Немцева Н.В. Микробные сообщества и проблема качества природных и питьевых вод. Бюллетень Оренбургского научного центра УрО РАН. 2023. 3: 21с. [Электр. ресурс] (URL: <http://elmag.uran.ru:9673/magazine/Numbers/2023-3/Articles/NVN-2023-3.pdf>). DOI: 10.24411/2304-9081-2023-13005