

污水处理厂尾水对受纳水体微生物群落结构的影响

张笑楠

辽宁昌鑫环境工程咨询有限公司 辽宁 沈阳 110000

摘要: 随着城市化进程的加速和环保标准的日益严格,污水处理厂(WWTPs)作为水污染控制的关键节点,其排放的尾水已成为许多河流、湖泊等受纳水体的重要补给水源。然而,尽管经过处理,尾水中仍含有残留的有机物、营养盐、新兴污染物(如抗生素、内分泌干扰物)以及大量外源微生物。这些物质的持续输入,对受纳水体原有的微生物生态系统构成了潜在且深远的扰动。本文系统综述了污水处理厂尾水的典型特征及其对下游受纳水体微生物群落结构(包括物种组成、多样性、功能潜力及抗性基因丰度)的影响机制。通过整合宏基因组学、高通量测序等现代分子生物学技术的研究成果,深入探讨了尾水输入如何驱动受纳水体微生物群落从“自然状态”向“人为影响状态”转变,并分析了这种转变对水体生态健康、生物地球化学循环及公共安全可能带来的风险。最后,本文提出了未来研究方向与管理建议,旨在为优化污水处理工艺、评估生态风险及制定更科学的水质标准提供理论依据。

关键词: 污水处理厂尾水; 受纳水体; 微生物群落结构; 生态风险

引言

水是生命之源,维系着生态系统平衡。在人类活动密集区,未经处理的污水直排会导致水体富营养化、病原体传播等。污水处理厂成为城市基础设施重要部分,经处理后污水以“尾水”形式排放。传统观念认为,尾水水质达标则环境影响可控。但分析技术进步与生态学认知深化,使人们意识到基于有限理化指标的评估体系有局限:一是现行标准未涵盖新兴污染物;二是尾水作为复杂“微生物混合体”,携带特定微生物群落,持续输入自然水体可能干扰其微生物生态系统。微生物是水生态系统物质循环和能量流动的引擎,外源微生物大规模侵入会打破原有生态关系。因此,探究尾水对受纳水体微生物群落结构的影响意义重大。本文将梳理最新研究进展,阐述尾水对微生物群落的具体影响,讨论抗生素抗性基因传播机制,并提出挑战与展望。

1 污水处理厂尾水的微生物学特征

要理解尾水对受纳水体的影响,首先必须明确其自身的微生物构成。污水处理厂本质上是一个高度人工化的微生物反应器,其内部的微生物群落是在特定工艺条件(如好氧/厌氧环境、污泥龄、温度、pH等)下,由进水中的微生物经过选择、富集和演替而形成的复杂集合体。

1.1 尾水中的微生物组成

尾水中的微生物主要来源于两个方面:一是未能被完全截留在活性污泥系统中的细菌、古菌、真菌、病毒和原生动物;二是处理过程中新繁殖产生的微生物。高通量测序技术(如16S rRNA基因测序)的研究表明,尾水中的细菌群落通常以变形菌门、拟杆菌门、放线菌

门和厚壁菌门为主^[1]。其中,变形菌门下的 β -变形菌纲和 γ -变形菌纲尤为丰富,包含了许多与有机物降解、氮循环相关的功能菌属,如Acinetobacter、Pseudomonas、Aeromonas等。值得注意的是,尾水中还常检出一些条件致病菌,如Legionella(军团菌)、Mycobacterium(分枝杆菌)和Enterococcus(肠球菌)等,它们对免疫功能低下的人群构成潜在健康威胁。此外,尾水也是病毒,特别是噬菌体的重要载体。噬菌体不仅能调控细菌群落的动态平衡,还是水平基因转移(Horizontal Gene Transfer, HGT)的关键媒介,在抗性基因的传播中扮演着“特洛伊木马”的角色。

1.2 尾水中的新兴污染物与选择压力

除了微生物本身,尾水中共存的各类污染物构成了强大的环境选择压力,深刻塑造着微生物群落的特性。抗生素是最具代表性的选择剂之一。即使在极低浓度(ng/L 至 $\mu\text{g/L}$ 级别)下,抗生素也能对敏感菌株产生抑制作用,从而筛选并富集出携带抗生素抗性基因(ARGs)的耐药菌(Antibiotic Resistant Bacteria, ARB)。研究表明,污水处理厂是ARGs的一个重要“热点”(hotspot)和“储存库”(reservoir),其尾水中ARGs的丰度和多样性远高于上游原水。除抗生素外,重金属(如Cu、Zn、Hg)、消毒副产物、以及多种有机微污染物也被证实能诱导交叉抗性(co-resistance)或共选择(co-selection)效应,即对一种压力因子的抗性可能同时赋予对其他因子的抗性。例如,某些编码重金属抗性的基因与ARGs位于同一可移动遗传元件(Mobile Genetic Elements, MGEs)上,如质粒、转座子和整合子。这使得尾水中的微生物群落不仅

具有耐药性,还可能具备多重抗逆能力,一旦进入自然环境,其生存竞争力将大大增强。

2 尾水对受纳水体微生物群落结构的影响

当富含特定微生物和选择压力的尾水排入受纳水体后,会立即与本地水体发生物理混合,并启动一系列复杂的生物地球化学过程,从而对下游微生物生态系统产生级联效应。

2.1 对微生物 α 多样性和 β 多样性的影响

微生物多样性通常从 α 多样性(指特定地点内的物种丰富度和均匀度)和 β 多样性(指不同地点之间群落组成的差异程度)两个维度进行衡量。大量野外调查和受控实验均表明,尾水排放点下游的微生物 α 多样性(如Shannon指数、Simpson指数)往往呈现出先降低后恢复的趋势。在紧邻排污口的区域(通常称为“影响区”或“混合区”),由于外源微生物的强势输入和污染物的急性毒性,本地土著微生物受到强烈抑制,导致群落结构简化, α 多样性显著下降。随着水流向下游迁移,污染物被稀释、降解,环境压力逐渐减弱,本地微生物开始恢复,同时外源微生物因不适应新环境而被淘汰, α 多样性随之回升^[2]。然而,这种“恢复”并不意味着回到原始状态,其群落组成已发生永久性改变。 β 多样性则清晰地揭示了这种空间格局的变化。主坐标分析(PCoA)或非度量多维尺度分析(NMDS)等排序方法的结果通常显示,上游对照点、排污口附近点和下游远端点的微生物群落样本在空间上明显分离。这种分离的程度与尾水的排放量、污染物负荷以及受纳水体的水文条件(如流速、流量)密切相关。高负荷的尾水输入会导致更大范围的 β 多样性变化,即影响区的范围更广。

2.2 对微生物群落物种组成的影响

尾水的输入最直接的影响是改变了受纳水体的物种组成。一方面,尾水中的优势菌属(如前述Acinetobacter,Pseudomonas等)会在下游水体中被检测到,其相对丰度随距离排污口的远近呈梯度变化。这些外源菌的引入,可能会与本地菌种竞争有限的生态位和资源(如溶解性有机碳),从而排挤掉一些竞争力较弱的土著物种。另一方面,尾水中的选择压力会重塑整个群落的功能导向。例如,在富含氮、磷的尾水影响下,与反硝化、聚磷相关的功能菌群可能会被富集。更重要的是,携带ARGs的ARB在抗生素等选择压力下获得生长优势,导致耐药菌在受纳水体中的比例异常升高。这种由人为活动驱动的群落演替,使得受纳水体的微生物生态系统从以自然过程(如光合作用、有机物矿化)为主导,转向以响应人为污染物(如降解难降解有机物、抵抗抗

生素)为特征。

2.3 对微生物功能潜力的影响

微生物群落的物种组成变化必然伴随着其整体功能潜力的改变。宏基因组学(Metagenomics)技术通过对环境中全部微生物DNA进行测序,能够直接揭示群落所携带的功能基因信息。研究发现,受尾水影响的水体中,与污染物降解相关的基因(如编码降解芳香族化合物、表面活性剂的酶基因)丰度显著增加。这在一定程度上增强了水体对特定污染物的自净能力,看似是一种“积极”的适应。然而,这种功能的增强是以牺牲其他生态功能为代价的。例如,与初级生产力(如光合作用相关基因)或固氮作用相关的功能基因可能会减少。更为严峻的是,ARGs及其相关的MGEs(如intI1,编码整合子整合酶的基因,常被用作HGT的指示基因)在受纳水体中的丰度和多样性普遍高于背景值。这意味着尾水不仅是ARB的直接排放源,更是ARGs水平转移的“催化剂”。本地土著微生物可以通过接合、转化、转导等方式从外源ARB或游离DNA中获取ARGs,从而将抗性扩散到更广泛的微生物类群中,形成一个动态的、不断扩大的抗性基因池^[3]。这种现象极大地加剧了ARGs在环境中的持久性和传播风险。

3 存在的生态与健康风险

尾水驱动的微生物群落结构改变,绝非仅仅是学术上的观察,它潜藏着多重生态与健康风险。首先,是对水生态系统稳定性的威胁。微生物群落是水生食物网的基础。其结构的剧变可能会影响更高营养级生物(如浮游动物、鱼类)的食物来源和栖息环境。例如,某些条件致病菌的增殖可能直接导致鱼类疾病爆发。此外,功能冗余的丧失会削弱生态系统应对未来扰动(如气候变化、新的污染事件)的缓冲能力,使其变得更加脆弱。其次,是ARGs的环境传播与公共健康风险。受纳水体常被用于农业灌溉、娱乐用水,甚至是饮用水源(经深度处理后)。其中富集的ARB和ARGs可以通过多种途径进入人体:通过皮肤接触(游泳)、摄入受污染的水产品、或饮用处理不彻底的自来水^[4]。这不仅增加了社区获得性感染的风险,更令人担忧的是,环境中的ARGs可能通过食物链或直接接触回传给人类病原菌,加速临床耐药问题的恶化,形成一个“人-动物-环境”一体化的耐药性循环(One Health perspective)。最后,是水质恶化的潜在诱因。虽然尾水补充了基流,但其携带的营养盐可能在特定条件下(如夏季高温、低流速)诱发下游水体的富营养化和有害藻华(HABs)。某些蓝藻水华不仅产生肝毒素、神经毒素,其死亡分解过程还会消耗大量溶解

氧,造成水体黑臭,进一步恶化微生物生存环境,形成恶性循环。

4 未来研究方向与管理启示

面对上述挑战,未来的研究与管理需从以下几个方面着力:

4.1 深化机理研究

需要更多结合宏转录组学(Metatranscriptomics)、宏蛋白组学(Metaproteomics)和代谢组学(Metabolomics)的多组学研究,从“基因存在”深入到“基因表达”和“功能实现”层面,精准解析尾水影响下微生物群落的实际代谢活性和生态功能。

4.2 加强ARGs的全链条追踪

建立从污水源头、处理过程、尾水排放到受纳水体乃至饮用水系统的ARGs监测网络,量化其迁移、转化和归趋规律,并识别关键的传播节点和驱动因子。

4.3 发展生态毒理学评价新范式

推动将微生物群落结构和功能指标(如ARGs丰度、关键功能基因比例、群落稳定性指数)纳入水质评价和污水处理厂效能评估体系,超越传统的理化指标,构建更全面的生态风险评估框架。

4.4 优化污水处理与资源回收技术

研发和应用能更有效去除CECs和灭活/去除ARB及ARGs的深度处理技术,如高级氧化、膜过滤(尤其是纳滤、反渗透)、人工湿地等。同时,探索将尾水中的微生物资源(如高效降解菌)进行定向分离和利用的可能性,变废为宝。

4.5 实施基于流域的综合管理

在规划污水处理厂建设和确定排放标准时,必须充分考虑受纳水体的环境容量、生态敏感性和用途。对于

生态脆弱或作为重要水源的水体,应执行更为严格的排放限值,甚至推行“零液体排放”或再生水回用策略,从源头上切断污染路径。

5 结语

污水处理厂尾水作为一种新型的人为水文输入,正以前所未有的规模和强度重塑着全球众多受纳水体的微生物世界。本文综述表明,尾水不仅带来了外源微生物的物理输入,更通过其所含的新兴污染物施加了强大的选择压力,共同驱动了受纳水体微生物群落在多样性、组成和功能上的深刻变革。这种变革的核心特征之一是抗生素抗性基因的富集与扩散,构成了连接环境污染与公共健康的严重威胁。认识到尾水的这种“隐形”生态效应,标志着我们对水污染控制的理解从宏观的水质净化迈向了微观的生态健康维护。未来,唯有通过跨学科的协同创新,将前沿的微生物生态学知识融入水环境管理政策和技术实践中,才能真正实现水资源的可持续利用,守护好我们赖以生存的蓝色星球。

参考文献

- [1]李雨浓,温东辉.污水处理厂尾水排放对受纳水域微生物群落的影响[J].环境工程,2024,42(09):167-179.
- [2]沈杰,金伟.城镇污水处理厂尾水对受纳水体影响的研究进展[J].环境工程,2020,38(03):92-98+115.
- [3]钱磊,颜志娇,朱江,等.污水处理厂出水受纳水体浮游植物群落结构及水质评价[J].环境科学学报,2020,40(09):3287-3297.
- [4]郭有顺,余仲,郝文彬,等.污水处理厂尾水排放对受纳河流细菌和真菌微生物群落的影响[J].环境科学,2024,45(04):2246-2258.