

УДК 001.891:579.68:628.144

DOI <https://doi.org/10.32851/wba.2023.1.10>

## МЕТОДИЧНІ ПІДХОДИ ДО ВИВЧЕННЯ МІКРОБІОЛОГІЧНОЇ СЕРЕДИ СИСТЕМ РОЗПОДІЛУ ПИТНОЇ ВОДИ

*Бреус Д. С. – к.с.-г.н.,*

*Херсонський державний аграрно-економічний університет,*

*breusd87@gmail.com*

Організація Об'єднаних Націй позиціонує дефіцит води проблемою номер один у світі. До 2025 року 3,2 мільярда жителів планети страждатимуть від нестачі прісної води. Кожен день у світі споживається близько 10 мільярдів тонн води. Встановлено, що приблизно 80% використаної води у світі потрапляє назад в навколишнє середовище неочищеною.

Безпека питної води вважається і сприймається як належне споживачами в більшості розвинених країн. Проте наше розуміння мікробіологічної середовища систем розподілу питної води (СРПВ) обмежене, частково через те, що ці середовища важкодоступні, а також, що вони традиційно вважалися складними середовищами для життя мікробів у порівнянні з іншими водними екосистемами. Але доступна наукова література, яка підкріплюється застосуванням останніх досягнень молекулярних методів дослідження системи розподілення питної води, вказує на те, що вони є екосистемами з різноманітними мікробними угрупованнями від вірусів до найпростіших [1].

Сучасні водоочисні споруди можуть очищувати питну воду надійно, ефективно та результативно, незважаючи на джерело та початкову якість води. Хоча ця вода є безпечною та високоякісною, вона далеко нестерильна. Очищена вода транспортується до кінцевих споживачів через складну інфраструктуру розподілу води. Вживаються профілактичні заходи щодо контролю якості води, в тому числі мікробіологічного забруднення, на очисних спорудах та шляхом забезпечення дезінфекційних заходів на більшості СРПВ. Тим не менш, деякі мікроорганізми можуть зберігатися після обробки, потрапляти та жити в системах розподілу [2].

Дослідження мікробіологічної середовища систем розподілу питної води традиційно базується на культивуванні організмів із масових проб води. Розробка та застосування молекулярних методів забезпечила нові інструменти для вивчення мікробного різноманіття та активності зразків навколишнього середовища, даючи нові знання про мікробні угруповання та їх різноманітність у цих інженерно-створених екосистемах.

Вивчення біоплівки вважається особливо важливим, оскільки вони відіграють важливу роль у процесах і взаємодіях, що відбуваються на межі розділу стінки труби та води. Переваги, обмеження та корисність методів, які можна використовувати для виявлення та оцінки чисельності мікроорганізмів, складу та функції угруповань, розглядаються в контексті СРПВ.

Ключові слова: мікробіологічна середовища, мікробні угруповання, система розподілення питної води, біоплівки, забруднення води, методи досліджень мікробних угруповань.

**Постановка завдання.** Метою статті є критична оцінка наявних на даний момент методів та нових підходів до характеристики мікробних угруповань, включаючи планктонні та біоплівкові. Стаття може бути корисною для інженерів-гідротехніків та екологів, що займаються дослідженням мікробів у системах розподілення питної води та під час вибору найбільш відповідного інструменту для оцінки мікробіологічного стану питної води та пов'язаних з нею аспектів.

**Аналіз останніх досліджень і публікацій.** Більшість вітчизняних очисних споруд не завжди працюють відповідно до високих стандартів питної води, які прийняті у світі, забезпечуючи угруповання мікроорганізмів поживними речовинами для розвитку у системах розподілення питної води. Мікроорганізми також можуть потрапити в розподільні мережі під час монтажу, ремонту або заміни інфраструктури, та шляхом часткового проникнення під час зниження тиску у системі. Після того, як мікроорганізми потраплять у СРПВ, вони зіткнуться зі складним середовищем з обмеженою кількістю поживних речовин для їх розвитку, мінливим потоком води та коливаннями тиску. Як наслідок, пристосування до цих умов, мікроорганізми часто виживають прикріплюючись до внутрішніх поверхонь труб у біоплівці, де вони захищені від зовнішніх несприятливих факторів і отримують користь від взаємодії з іншими мікроорганізмами. Понад 95 % мікробної біомаси в СРПВ прикріплюється до стінок труби, утворюючи біоплівки [3].

Загальні питання, які виникають під час вивчення мікроорганізмів у СРПВ, незалежно від їх способу життя це який тип мікроорганізмів в них присутній, наскільки їх багато, як їх діяльність впливає на навколишнє середовище або на інші організми, включаючи будь-який можливий вплив на здоров'я людини та як навколишнє середовище впливає на структуру та функції присутніх мікроорганізмів у системі [4].

Щоб відповісти на ці питання, для вивчення СРПВ використовувалися різні методи, починаючи від культуро-залежних методів (так звані *culture-dependent methods* або CDMs), і закінчуючи методами, що не залежать від культури бактерій (*culture-independent methods* або CIMs). Відповідно до нормативних вимог водопровідні компанії регулярно використовують культуро-залежні методи для оцінки якості питної води. Культуро-залежне виявлення та підрахунок фекальних коліформ є корисними для моніторингу питної води на фекальні забруднення, надаючи водопровідним службам дані необхідні для розрахунків. Однак вони надають обмежену інформацію про загальні мікробні угруповання (що охоплює < 1% їх різноманіття) та зміни в ній. Застосування методів, незалежних від культури бактерій, пододало ці обмеження та виявило нове та покращене уявлення про мікробіологічний світ у СРПВ. Впровадження цих методів як

способу вибору для дослідження мікробних угруповань водопровідними службами відбувається повільно, оскільки вони потребують більш спеціалізованого обладнання, навченого персоналу та є дорожчими, ніж культуро-залежні методи. Проте очікується, що найближчим часом низка методів, незалежних від культури бактерій, буде використовуватися регулярно [5].

Для визначення мікробіологічних параметрів необхідні належні процедури відбору проб. Програми відбору проб, вказівки щодо практики та процедур моніторингу якості води в СРПВ були розроблені та спроектовані міжнародними організаціями та водопровідними компаніями. Всесвітня організація охорони здоров'я (ВООЗ) опублікувала кілька видань «Рекомендацій щодо якості питної води» (2011), де можна знайти інформацію про стандартизовані методи мікробного аналізу СРПВ (ISO 5667-5:2006) [6].

Спіраючись на досвід розвинутих країн світу можна зробити висновки щодо подальшої організації роботи у сфері вивчення якості питної води. Так, наприклад, в США «Закон про безпечну питну воду» уповноважує Агентство з охорони навколишнього середовища (USEPA) встановлювати стандарти питної води, воно розробило посібник, який допомагає відбирати проби води відповідно до цих стандартів У Європейському Союзі (ЄС) Директива Ради 98/83/ЄС від 03 листопада 1998 року про якість води, призначеної для споживання людиною, регулює якість води та вимагає, щоб країни ЄС відповідали ряду параметрів і стандартів здоров'я. У Великій Британії Екологічна агенція (EA) також надає вказівки щодо методів відбору та аналізу проб для визначення якості питної води, а інспекція питної води регулює водопровідні компанії в Англії та Уельсі, щоб гарантувати, що якість питної води є безпечною та прийнятною для споживачів [7].

Незважаючи на суворі стандарти регулювання, у науковій літературі часто бракує деталей щодо методології відбору проб, що ускладнює оцінку та порівняння даних між системами та дослідженнями. Під час відбору проб необхідно враховувати кілька основних правил, таких як використання відповідних контейнерів для відбору проб, транспортування, зберігання та уникнення забруднення під час відбору. Однак, якщо необхідно провести дослідження із застосуванням нестандартних методів аналізу питної води, таких як, наприклад, молекулярних (ДНК/РНК), то чинні офіційні правила та рекомендації, описані вище, не містять жодних вказівок щодо цих видів досліджень. Наприклад, немає стандартів щодо мінімального репрезентативного об'єму проби, необхідного для охоплення повного мікробіому, присутнього в СРПВ. Так, наприклад, у літературі для концентрування мікробної біомаси для подальшого молекулярного аналізу можна зустріти різні об'єми проб води, яка відбирається для аналізу – від 1 до 100 л. Відсутність стандартів для молекулярних досліджень води робить порівняння результатів різних лабораторій дуже складним [8].

Стаття представляє огляд доступних методів, які можна використувати для виявлення мікроорганізмів і оцінки їх чисельності, складу та функції в СРПВ. Повне розуміння мікробіологічної середовища СРПВ має фундаментальне значення для збереження та гарантування безпечної та якісної питної води. Краще розуміння мікробіологічного складу питної води може забезпечити більш надійну оцінку ризику та допомогти покращити поточні стратегії контролю та управління.

Дослідження біоплівки є ключовим компонентом мікробіологічних досліджень СРПВ, але оскільки труби у діючих системах водопостачання є важко доступними для вивчення, збір зразків із реальних систем є серйозною проблемою. Як правило, настільні лабораторні біоплівкові реактори, такі, як ротаційний дисковий реактор, кільцевий біоплівковий реактор, і реактор «Propella» використовувались для вивчення різних абіотичних факторів, які можуть впливати на формування біоплівки. Однак, треба зазначити, що вони погано відтворюють умови реальних трубопроводних мереж [9].

**Виклад основного матеріалу дослідження.** На даний момент існує два різних підходи для вивчення біоплівок в умовах наближених до СРПВ. Один передбачає вирізання труб; інший спирається на пристрої, вставлені в трубу. Протоколи відбору проб із вирізів труб є трудомісткими, дорогими та класифікуються як деструктивні методи відбору проб. Крім того, процеси розкопок і різання часто викликають занепокоєння щодо забруднення проб. Використання пристроїв, як правило, переборок, які можна розгортати неодноразово або в пілотному випробувальному центрі, або в робочому СРПВ, дозволяє вивчати динаміку біоплівки у часі через зміну абіотичних і біотичних факторів на місці. Як правило, основним обмеженням деяких із цих пристроїв є те, що вони не завжди вірно передають гідравлічні умови в трубах, і в більшості випадків режими турбулентності відрізняються від справжніх умов роботи СРПВ, що штучно впливає на спосіб розвитку біоплівок. Пристрій Роббіна і тримач «Pipe Sliding Coupon» є представниками таких типів пристроїв з гідравлічними обмеженнями. Деякі пристрої, такі як «Біоплівковий пробовідбірник», безпосередньо підключені до СРПВ, щоб уникнути спотворення гідравлічних умов у процесах утворення біоплівки, але для вивчення біоплівок у природних умовах, наприклад, за допомогою методів мікроскопії, біоплівки потрібно видалити з переборки. Зразок Pennine Water Group, «PWG Coupon», використовує переваги «Біоплівкового пробовідбірника» на крок далі, оскільки зразок вигнутий і тому розташований на одному рівні зі стінкою труби, зменшуючи викривлення гідравлічних умов. Ще однією перевагою є те, що переборка складається з двох частин: «вставка», що знімається, яка дозволяє аналізу в атибіоплівки в реальних умовах, і зовнішню частину, яку

можна використовувати для вилучення нуклеїнових кислот для подальшої характеристики мікробних угруповань [10].

Застосування методів переборок, як в експериментальних, так і в робочих СРПВ дозволяє покращити розуміння пробіоплівки і численні абіотичні фактори, які можуть відігравати роль у їх формуванні та властивостях питної води.

На рисунку 1 представлені методи, які найчастіше використовуються для виявлення кількісного складу та характеристики мікробних угруповань у пробах питної води. Звичайні мікробіологічні методи традиційно застосовуються для моніторингу змiну мікробіологічної якості води. Незважаючи на їх корисність, ці методи, безумовно, обмежені, і вони показують лише відносно невелику частку (<1 %) від загальної різноманітності проб води. Останнім часом молекулярні підходи обійшли ці обмеження, що дозволяє отримати більш детальне зображення мікробних угруповань [11].



Рис. 1. Схема існуючих методів характеристики мікробних угруповань у системах розподілу питної води

Незважаючи на добре відомі обмеження культуро-залежних методів, вони є нормативним для використання водопровідними компаніями та аналітичними лабораторіями для регулярного моніторингу мікробіологічної якості питної води, включаючи виявлення фекального забруднення.

Еталонним методом, що використовується для звичайного бактеріологічного моніторингу питної води, є метод гетеротрофного підрахунку (НРС), які оцінюють лише гетеротрофні бактерії, здатні утворювати колонії на твердому середовищі при певній температурі. Під рахунок кількості

колоній, що вирости після певного часу інкубації, дає загальну оцінку бактеріологічного навантаження в пробах води. Існує кілька стандартизованих методів НРС, але немає затвердженої стандартної процедури. Ці методи включають інкубацію чаш Петрі і з бактеріями при температурі від 20°C до 37°C протягом періоду від кількох годин до кількох днів (Allenetal., 2004). Цей метод дає лише інформацію про обмежену частину всього мікробного угруповання у зразку, але низька вартість, відносна простота, широке визнання та довга історія методу робить його зручним інструментом для водопровідних служб для оцінки ефективності очищення води та визначення повторного росту мікроорганізмів у мережі [12].

Культуро-залежні тести також використовуються для виявлення мікроорганізмів-індикаторів, таких як колі формні бактерії. Такі бактерії, як *Escherichia spp.*, *Enterobacter spp.* і *Citrobacter spp.* є звичними для фекалій тварин, а тому їх присутність у зразках води вище певних концентрацій, встановлених спеціальним законодавством, дає підстави вважати, що вона забруднена фекаліями [8]. Для виявлення колі форм у питній воді часто використовуються методи мембранної фільтрації і метод багатопробіркової ферментації. Техніка мембранної фільтрації полягає у фільтруванні зразка води для концентрації клітин з подальшою інкубацією фільтра у певному середовищі та через певний період часу підраховують розвинені колонії. У методиці багатопробіркової ферментації концентрацію бактерій оцінюють шляхом інокуляції серії пробірок з рідким середовищем десятикратним розведенням зразка води. Якщо середовище підтримує ріст мікроорганізмів, воно стає каламутним, і результати можна виразити за допомогою оцінки середньої кількості бактерій у зразку, відомої як метод найбільш ймовірного числа. Проте, як правило, необхідні додаткові тести для підтвердження присутності специфічних колі формних організмів. Тести, які використовуються для аналізу цих бактерій, відносно дешеві, прості та безпечні у виконанні, що забезпечує водопровідні компанії та аналітичні лабораторії зручним інструментом для оцінки ризику фекального забруднення [13].

Для того щоб зменшити обмеження культуро-залежних методів у виявленні фактичного мікробного різноманіття, були розроблені методи виявлення та кількісного визначення мікроорганізмів, які не залежать від культури бактерій. У таблиці 1 конкретизовано основні сфери застосування, переваги та недоліки методів, які найчастіше використовуються для дослідження мікроорганізмів у системах розподілу питної води [14].

Всі переваги та недоліки підходів, які зараз використовуються в мікробіології навколишнього середовища, було розглянуто з позиції їх застосовності до систем розподілу питної води. Але кінцевий вибір методики залежить від мети дослідження, необхідного рівня роздільної здатності, наявності спеціалізованого обладнання та доступного фінансування.

Таблиця 1. Сучасні молекулярні методи дослідження мікробних угруповань систем розподілу питної води

Метод	Опис	Застосування	Переваги	Недоліки
<p>Генетична дактилоскопія DGGE/TGGE SSCP, T-RFLP</p> <p>Аналіз рибосомального міжгенного простору (RISA/ARISA)</p> <p>ПЛР на гетерогенність довжини (LH-PCR)</p>	<p>Методи генетичної дактилоскопії на основі ПЛР визначають структуру угруповання на основі варіації послідовності ДНК (довжина та послідовність нуклеотидів)</p>	<p>Моніторинг мікробного угруповання протягом тривалого часу та/або у відповідь на зміни умов навколишнього середовища</p> <p>Характеристика угруповань планктону та біоплівки в розподільних трубах та на корозійних накипах у чавунних трубах</p>	<p>Швидке профілювання просторово-часової варіативності</p> <p>Однчасне аналізування великої кількості проб</p>	<p>- Зміщення, пов'язане з ПЛР</p> <p>- Виявляються лише переважаючі види</p> <p>- Немає прямої таксономічної ідентифікації</p> <p>- Забирає багато часу, вимагає аналізу зразків після ПЛР</p> <p>- Аналіз коротких послідовностей (&lt;500bp)</p> <p>- DGGE – складне порівняння між гелями</p> <p>- T-RFLP і ARDRA – складне визначення мікробних профілів</p>
<p>FISH CARD – FISH</p>	<p>Флуоресцентні олигонуклеотидні зонди рРНК використовуються для виявлення бактерій у природному середовищі та підрахунку мікроорганізмів</p>	<p>Специфічне виявлення та підрахунок чисельності мікроорганізмів у питній воді та біоплівках</p>	<p>- Філогенетична ідентифікація</p> <p>- Візуалізація не культивованих мікроорганізмів</p> <p>- Висока чутливість</p> <p>- Виявлення різних мікроорганізмів одночасно за допомогою кількох флуоресцентних барвників</p>	<p>Для розробки зонда необхідна інформація про послідовність</p> <p>Важко відрізнити живі клітини від мертвих</p> <p>Важко доступність цільового гена</p>
<p>Клонування та секвенування</p>	<p>Екстракція нуклеїнових кислот, ампліфікація та клонування цільового гена у векторі з подальшим секвенуванням і таксономічним розподілом за допомогою біоінформатики</p>	<p>Аналіз мікробного угруповання питної води та біоплівок</p>	<p>Таксономічний і філогенетичний аналіз</p>	<p>Довгий і трудоемкий процес</p> <p>Секвенування обмеженої кількості клонів описує лише домінуючих членів мікробних спільнот</p>

Продовження таблиці 1

Високо продуктивні методи секвенування (Roche454FLX, аналізатор геному Illumina/Solexa тощо)	Бібліотеки фрагментів ДНК ампліфікуються та секвенуються за допомогою масових паралельних платформ	Аналіз мікробного різноманіття та структури у воді, біоплівках та водомірах	- Швидше та дешевше, ніж традиційне секвенування Сенгера  - Кілька зразків можна об'єднати в цикл	- Висока вартість і трудомісткий аналіз даних
Кількісний ПЛР(Q-ПЛР) і ПЛР в реальному часі (RT-ПЛР)	Використовує інтеркалюючі флуоресцентні зонди (TaqMan) або барвники (SYBRGreen) для вимірювання накопичення ампліконів у реальному часі протягом кожного циклу ПЛР	-Виявлення збудників хвороб і показників присутності фекалій  -Виявлення та інтерпретація таксономічних і функціональних генів (наприклад, денітрифікаторів і сульфат відновників)	- Дуже чутливий  - Швидке та точне кількісне визначення генів	- RT-ПЛР – важко отримати достатню кількість якісної РНК
ДНК –чип масив / мікрочипи ДНК/ РНК	Флуоресцентні ПЛР-амплікони гібридуються з відомими молекулярними зондами, прикріпленими до мікрочипів	- Функціональний аналіз угруповань  - Виявлення збудників хвороб і показників присутності фекалій	- Відсутність упередженості, пов'язаної з ПЛР  Швидка оцінка  Інтенсивність сигналу гібридизації пропорційна чисельності цільових організмів	- Для аналізу даних потрібен дуже дорогий і високо-кваліфікований персонал
Біосенсори	Пряме виявлення мікроорганізмів за допомогою методів імунологічного аналізу, інтегрованої оптики та хімії поверхонь	Виявлення показників присутності фекалій	- Швидке виявлення	- Залежить від культивування мікроорганізмів  - Важко відрізнити живі і мертві мікроорганізми

**Висновки.** Незважаючи на культуро-залежні методи, які все ще використовуються водопровідними службами для регулярного моніторингу мікробної якості питної води, молекулярні методи замінюють їх, і деякі крупні європейські водопровідні компанії починають впроваджувати підходи на основі ПЛР для виявлення патогенів. Основні платформи секве-



нування постійно збільшують кількість отриманих послідовностей і довжину зчитування із зразків, одночасно знижуючи витрати. Нові розробки у цій сфері допоможуть знизити вартість цієї технології, що дозволить використовувати її як стандартний підхід до мікробіологічних досліджень навколишнього середовища. Майбутня автоматизація молекулярних методів може бути незамінною для розробки онлайн-пристроїв, наприклад, для виявлення патогенів у питних мережах.

Основною прогалиною в знаннях у розумінні мікробіології СРПВ є відсутність інформації, необхідної для зв'язку між мікробним різноманіттям. Підходи, які можуть заповнити цю прогалину, це мікрочіпи, метаболоміка та метапротеоміка, але їх використання ще не досліджено в СРПВ.

## **METHODOLOGICAL APPROACHES FOR STUDYING THE MICROBIOLOGICAL ENVIRONMENT OF DRINKING WATER DISTRIBUTION SYSTEMS**

*Breus D. S. – PhD in Agriculture,  
Kherson State Agrarian and Economic University,  
breusd87@gmail.com*

The United Nations ranks water scarcity as the world's number one problem. By 2025, 3.2 billion inhabitants of the planet will suffer from a lack of fresh water. About 10 billion tons of water is consumed every day in the world. It has been established that approximately 80% of the used water in the world is returned to the environment untreated.

The safety of drinking water is considered and taken for granted by consumers in most developed countries. However, our understanding of the microbial environment of drinking water distribution systems (DWDS) is limited, in part because these environments are difficult to access, and because they have traditionally been considered difficult environments for microbes to live in compared to other aquatic ecosystems. But the available scientific literature, which is supported by the application of recent advances in molecular methods of studying the drinking water distribution system, indicates that they are ecosystems with diverse microbial communities from viruses to protozoa [1].

Modern water treatment plants can treat drinking water reliably, efficiently and effectively, regardless of the source and initial quality of the water. Although this water is safe and of high quality, it is far from sterile. Purified water is transported to end users through a complex water distribution infrastructure. Preventive measures are taken to control water quality, including microbiological contamination, at treatment facilities and by providing disinfection measures at most DWDS. However, some microorganisms can persist after treatment, enter and live in distribution systems [2].

The study of the microbiological environment of drinking water distribution systems is traditionally based on the cultivation of organisms from bulk water samples. The development and application of molecular techniques has provided new tools to

study the microbial diversity and activity of environmental samples, yielding new knowledge about microbial communities and their diversity in these engineered ecosystems.

The study of biofilms is considered particularly important because they play an important role in the processes and interactions that occur at the interface between the pipe wall and water. The advantages, limitations, and utility of methods that can be used to detect and assess microbial abundance, community composition, and function are reviewed in the context of DWDS.

Keywords: microbiological environment, microbial communities, drinking water distribution system, biofilms, water pollution, methods of research of microbial communities.

### ЛІТЕРАТУРА

1. Szewzyk U., Szewzyk R., Manz W., Schleifer K. H. Microbiological safety of drinking water. *Annual Review of Microbiology*. 2000. No. 54, 81–127.
2. Besner M.-C., Prévost M., Regli S. Assessing the public health risk of microbial intrusion events in distribution systems: conceptual model, available data, and challenges. *Water Research*. 2011. No. 45(3), 961–979.
3. Henne K., Kahlisch L., Brettar I., Höfle M. G. Analysis of structure and composition of bacterial core communities in mature drinking water biofilms and bulk water of a city wide network in Germany. *Applied and Environmental Microbiology*. 2012. No. 78(10), 3530–3538.
4. Tilman D. Functional diversity. *Encyclopedia of Biodiversity*, Academic Press, San Diego, CA. 2001. pp. 109–120.
5. Бреус Д. С. Дослідження екологічного стану акваторії Каховського водосховища. *Водні біоресурси та аквакультура*. 2020. № 2. С. 9–18.
6. Gomez-Alvarez V., Revetta R. P., Domingo J. W. S. Metagenomic analyses of drinking water receiving different disinfection treatments. *Applied and Environmental Microbiology*. 2012. No. 78(10), 6095–6102.
7. Breus D., Dudyayeva O., Evtushenko O., Skok S. Organic agriculture as a component of the sustainable development of the Kherson region (Ukraine). *International Multidisciplinary Scientific Geo Conference: SGEM*. 2018. No. 18(5.2), 691–697.
8. Boubetra A., Le Nestour F., Allaert C., Feinberg M. Validation of alternative methods for the control of drinking water: application to *Escherichia coli*. *Applied and Environmental Microbiology*. 2011. No. 70(10), 3360–3367.
9. Бреус Д. С. Світовий досвід ведення органічного землеробства та перспективи його розвитку в Україні. *Таврійський науковий вісник*. 2020. № 116. С. 198–206.
10. Kahlisch L., Henne K., Gröbe L., Brettar I., Höfle M. Assessing the viability of bacterial species in drinking water by combined cellular and molecular analyses. *Microbial Ecology*. 2011. No. 63. pp. 383–397.

11. Douterelo I., Sharpe R., Boxall J. Bacterial community dynamics during the early stages of biofilm formation in a chlorinated experimental drinking water distribution system: implications for drinking water discolouration. *Journal of Applied Microbiology*. 2014. Vol. 117, issue 1, 286–301.
12. Vander Kooij D., J. vander Wielen P. W. J. Microbial Growth in Drinking-Water Supplies. Problems, Causes, Control and Research Needs. 2014. IWA Publishing, UK.
13. Lautenschlager K., Hwang C., Ling F., Liu W.-T., Boon N., Köster O., Egli T., Hammes F. Abundance and composition of indigenous bacterial communities in a multi-step biofiltration-based drinking water treatment plant. *Water Research*. 2014. No. 62. pp. 40–52.
14. Liu G., Bakker G.L., Li S., Vreeburg J.H.G., Verberk J.Q.J.C., Medema G.J., Liu W.T., Van Dijk J.C. Pyrosequencing reveals bacterial communities in unchlorinated drinking water distribution system: an integral study of bulk water, suspended solids, loose deposits, and pipe wall biofilm. *Environmental Science & Technology*. 2014. No. 48(10). pp. 5467–5476.

#### REFERECES

1. Szewzyk U., Szewzyk R., Manz W., Schleifer K. H. (2000). Microbiological safety of drinking water. *Annual Review of Microbiology*, no. 54, 81–127.
2. Besner M.-C., Prévost M., Regli S. (2011). Assessing the public health risk of microbial intrusion events in distribution systems: conceptual model, available data, and challenges. *Water Research*, no. 45(3), 961–979.
3. Henne K., Kahlisch L., Brettar I., Höfle M. G. (2012). Analysis of structure and composition of bacterial core communities in mature drinking water biofilms and bulk water of a city wide network in Germany. *Applied and Environmental Microbiology*, No. 78(10), 3530–3538.
4. Tilman D. (2001). Functional diversity. *Encyclopedia of Biodiversity*, Academic Press, San Diego, CA. pp. 109–120.
5. Breus D. S. (2020). *Doslidzhennia ekolohichnoho stanu akvatorii Kakhovskoho vodoshkovyshcha* [Study of the ecological state of the water area of the Kahovka water reservoir]. *Aquatic bioresources and aquaculture*, no. 2, 9–18. [in Ukrainian].
6. Gomez-Alvarez V., Revetta R. P., Domingo J. W. S. (2012). Metagenomic analyses of drinking water receiving different disinfection treatments. *Applied and Environmental Microbiology*, no. 78(10), 6095–6102.
7. Breus D., Dudyaeva O., Evtushenko O., Skok S. (2018). Organic agriculture as a component of the sustainable development of the Kherson region (Ukraine). *International Multidisciplinary Scientific Geo Conference: SGEM*, no. 18(5.2), 691–697.

8. Boubetra A., Le Nestour F., Allaert C., Feinberg M. (2011). Validation of alternative methods for the control of drinking water: application to *Escherichia coli*. *Applied and Environmental Microbiology*, 70(10), 3360–3367.
9. Breus D. S. (2020). *Svitovyi dosvid vedennia orhanichnoho zemlerobstva ta perspektyvy yoho rozvytku v Ukraini* [World experience of conducting organic farming and prospects for its development in Ukraine]. *Taurida Scientific Bulletin*, no. 116, 198–206. [in Ukrainian].
10. Kahlisch L., Henne K., Gröbe L., Brettar I., Höfle M. (2011). Assessing the viability of bacterial species in drinking water by combined cellular and molecular analyses. *Microbial Ecology*, no. 63, 383–397.
11. Douterelo I., Sharpe R., Boxall J. (2014). Bacterial community dynamics during the early stages of biofilm formation in a chlorinated experimental drinking water distribution system: implications for drinking water discoloration. *Journal of Applied Microbiology*, Vol. 117, issue 1, 286–301.
12. Vander Kooij D., J. vander Wielen P. W. J. (2014). *Microbial Growth in Drinking-Water Supplies. Problems, Causes, Control and Research Needs*. IWA Publishing, UK.
13. Lautenschlager K., Hwang C., Ling F., Liu W.-T., Boon N., Köster O., Egli T., Hammes F. (2014). Abundance and composition of indigenous bacterial communities in a multi-step biofiltration-based drinking water treatment plant. *Water Research*, no. 62, 40–52.
14. Liu G., Bakker G.L., Li S., Vreeburg J.H.G., Verberk J.Q.J.C., Medema G.J., Liu W.T., Van Dijk J.C. (2014). Pyrosequencing reveals bacterial communities in unchlorinated drinking water distribution system: an integral study of bulk water, suspended solids, loose deposits, and pipe wall biofilm. *Environmental Science & Technology*, no. 48(10), 5467–5476.