

山东某农村间歇式供水系统微生物健康风险评价

张晓晓^{1a}, 李峥², 吕实波³, 姚伟^{1b}, 李洪兴^{1a}

1. 中国疾病预防控制中心农村改水技术指导中心 a. 农村饮水监测室 b. 爱国卫生技术室, 北京 102200
2. 中国疾病预防控制中心环境与健康相关产品安全所, 北京 100021
3. 山东省疾病预防控制中心卫生检验检测所, 山东 济南 250014

DOI 10.13213/j.cnki.jeom.2021.20595

摘要:

[背景] 我国农村间歇式供水系统应用普遍, 但研究表明间歇式供水会增加水质微生物污染, 增加供水覆盖人群健康风险。

[目的] 了解我国某农村间歇式供水系统微生物污染现状, 定量评估该村间歇式供水微生物健康风险。

[方法] 以山东省淄博市某农村地区一典型间歇式供水系统作为研究对象, 选择水源类型和污水处理工艺相似的连续供水系统作为对照, 分别采集出厂水(各1份)、末梢水(各20个采样点, 间歇式供水系统分别在供水瞬间、恢复供水5 min后和恢复供水30 min后采集1份水样, 连续供水系统分别在打开水龙头瞬间和放水5 min后采集1份水样)及间歇式供水家庭储水(10个采样点, 各采样1份)水样进行微生物指标检测, 参照GB 5749—2006《生活饮用水卫生标准》分析水样中微生物超标情况, 并对两种不同供水系统的不同类型水样中微生物含量的差异性进行比较。以总大肠菌群为致病微生物的指示菌, 采用微生物定量风险评估方法评价个体不同暴露情况下的饮水致病微生物年感染风险概率, 并采用蒙特卡罗模拟法进行不确定性分析。

[结果] 两种供水系统出厂水水样中微生物指标均合格。间歇式供水末梢水水样中菌落总数超标率为48.3% (29/60), 总大肠菌群超标率为23.3% (14/60), 家庭储水水样中两种微生物超标率分别为80.0% (8/10)和50.0% (5/10); 连续供水末梢水水样中两种微生物的超标率分别为40.0% (16/40)和20.0% (8/40)。间歇式供水末梢水恢复供水瞬间采集的水样中总大肠菌群含量(对数中位数为2.11 lg CFU·100 mL⁻¹)高于连续供水末梢水打开水龙头瞬间采集的水样(对数中位数为0.30 lg CFU·100 mL⁻¹) ($P < 0.05$); 间歇式供水末梢水恢复供水30 min后采集的水样中菌落总数(对数均数为2.04 lg CFU·mL⁻¹)高于连续供水末梢水放水5 min后水样(对数均数为1.62 lg CFU·mL⁻¹) ($P < 0.05$)。家庭储水水样中菌落总数(对数均数为3.20 lg CFU·mL⁻¹)高于两种供水系统的末梢水水样 ($P < 0.05$); 储水水样中总大肠菌群含量(对数中位数为1.52 lg CFU·100 mL⁻¹)高于间歇式供水末梢水恢复供水30 min后水样 ($P < 0.05$)。经蒙特卡罗模拟, 间歇式供水系统覆盖人群中个体感染致病微生物的年风险概率的 $M (P_5 \sim P_{95})$ 为 $47.67 \times 10^{-4} (0 \sim 1392.46 \times 10^{-4})$, 连续供水系统为 $4.85 \times 10^{-4} (0 \sim 182.37 \times 10^{-4})$, 差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。

[结论] 本研究结果显示该地间歇式供水系统较连续供水系统增加了人群微生物暴露与感染的风险。

关键词: 间歇式供水; 微生物定量风险评估; 蒙特卡罗模拟; 不确定性分析

Quantitative microbiological risk assessment of a rural intermittent water supply in Shandong

ZHANG Xiaoxiao^{1a}, LI Zheng², LYU Shibo³, YAO Wei^{1b}, LI Hongxing^{1a} (1.a.Rural Drinking Water Monitoring Office b.Patriotic Health Technology Office, National Center for Rural Water Supply Technical Guidance, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102200, China; 2.National Institute of Environmental Health, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100021, China; 3.Department of Health Inspection and Testing, Shandong Center for Disease Control and Prevention, Jinan, Shandong 250014, China)

Abstract:

[Background] Intermittent water supply (IWS) is widely used in rural China, and related studies have shown that IWS increases microbial contamination of tap water and increases health risks

作者简介

张晓晓 (1996—), 女, 硕士生;
E-mail: 528912494@qq.com

通信作者

李洪兴, E-mail: lihx@ncrwstg.chinacdc.cn

伦理审批 不需要

利益冲突 无申报

收稿日期 2020-12-22

录用日期 2021-05-04

文章编号 2095-9982(2021)06-0607-06

中图分类号 R123.5

文献标志码 A

►引用

张晓晓, 李峥, 吕实波, 等. 山东某农村间歇式供水系统微生物健康风险评估[J]. 环境与职业医学, 2021, 38(6): 607-611, 642.

►本文链接

www.jeom.org/article/cn/10.13213/j.cnki.jeom.2021.20595

Correspondence to

LI Hongxing, E-mail: lihx@ncrwstg.chinacdc.cn

Ethics approval Not required

Competing interests None declared

Received 2020-12-22

Accepted 2021-05-04

► To cite

ZHANG Xiaoxiao, LI Zheng, LYU Shibo, et al. Quantitative microbiological risk assessment of a rural intermittent water supply in Shandong[J]. Journal of Environmental and Occupational Medicine, 2021, 38(6): 607-611, 642.

► Link to this article

www.jeom.org/article/en/10.13213/j.cnki.jeom.2021.20595

for the population in coverage.

[Objective] This study aims to understand the current situation of microbial pollution of a typical IWS in rural China, and to quantitatively evaluate its health risks.

[Methods] A typical rural IWS in Zibo, Shandong was selected as a study subject, and a continuous water supply (CWS) with similar water source type and water treatment was selected as a control. Finished water samples (1 water sample from each water plant), tap water samples (20 sampling points for each water plant; for IWS, 1 tap water sample was collected at the moment of supplying water, 5 min after water supply restart, and 30 min after water supply restart, respectively; for CWS, 1 tap water sample was collected at the moment of supplying water and 5 min after water supply, respectively), and household stored water samples (only for IWS, 10 sampling points, 1 sample from each point) were collected and tested for microbiological parameters, and the results were evaluated according to the *Standards for drinking water quality* (GB 5749—2006) and compared among the three types of water samples and between the two water supply systems. Total coliform (TC) was used as an indicator of pathogenic microorganisms, and quantitative microbial risk assessment (QMRA) method was adopted to evaluate the annual infection probability from piped water for the IWS and CWS serviced populations. Monte-Carlo simulations were used for uncertainty analysis.

[Results] For the finished water samples from the two water supply systems, the testing results of TC and total bacteria (TB) met the national standard. The unqualified rates of TB and TC for IWS tap water samples were 48.3% (29/60) and 23.3% (14/60), the rates for household stored water samples were 80.0% (8/10) and 50.0% (5/10), and the rates for CWS tap water samples were 40.0% (16/40) and 20.0% (8/40), respectively. The TC count of IWS tap water samples at the moment of supplying water (logarithm median, 2.11 lg CFU·100 mL⁻¹) was higher than that of corresponding CWS tap water samples (logarithm median, 0.30 lg CFU·100 mL⁻¹) ($P < 0.05$); the TB count of IWS tap water samples at 30 min after water supply restart (logarithm mean, 2.04 lg CFU·mL⁻¹) was higher than that of CWS water samples at 5 min after water supply restart (logarithm mean, 1.62 lg CFU·mL⁻¹) ($P < 0.05$). The TB count of IWS household stored water samples (logarithm mean, 3.20 lg CFU·mL⁻¹) was higher than that of tap water samples from IWS and CWS ($P < 0.05$); the TC count of IWS household stored water samples (logarithm median, 1.52 lg CFU·100 mL⁻¹) was higher than that of tap water samples at 30 min after water supply restart ($P < 0.05$). The Monte-Carlo simulation results showed that the annual infection probability [$M (P_5-P_{95})$] for IWS was 47.67×10^{-4} ($0-1392.46 \times 10^{-4}$), and that for CWS was 4.85×10^{-4} ($0-182.37 \times 10^{-4}$) ($P < 0.05$).

[Conclusion] Compared with CWS, IWS increases the risk of microbial exposure and infection for the populations in service in the selected area.

Keywords: intermittent water supply; quantitative microbiological risk assessment; Monte-Carlo simulation; uncertainty analysis

间歇式供水又称定时供水,是指不满足一周7 d × 24 h连续向用户送水的供水服务系统^[1]。间歇式供水的原因主要有水资源限制、供水单位控制成本、用户规模不足等,在发展中国家较为常见^[2]。研究显示,间歇式供水系统在供水间歇期管道呈低压或负压,恢复供水瞬间管道突然增压使管壁生物膜冲刷脱落,环境中污染物入侵和回流也均可导致水质恶化,增加供水系统中微生物含量,产生健康风险^[3-4]。Kumpel等^[3]研究表明,间歇式供水与传染性肝炎和腹泻疾病(如阿米巴病、伤寒和霍乱)有关。间歇式供水在我国农村地区较为常见,但现有的研究多集中于间歇式供水的家庭适应性行为及间歇式供水时间限制对家庭用水活动的影响^[2, 5]。因此,有必要对间歇式供水的微生物污染状况及其带来的微生物健康风险进行定量评估。本研究采用微生物定量风险评估方法,对山东省某农村间歇式供水系统的微生物进行测定,并与连续供水系统进行比较,旨在初步了解该地区间歇式供水系统微生物污染现状,定量评估间歇式供水所增加的用户饮水微生物健康风险,为农村间歇式供水系统的卫生管理提供依据。

1 材料与方法

1.1 现场选择

在山东省淄博市某农村地区选取一个典型的间歇式供水系统作为研究对象,选择水源类型和水处理工艺相似的连续供水系统作为对照。调查水厂基本情况,包括水厂覆盖人口情况、水厂运营情况、水源类型、水处理工艺、水消毒情况等。

1.2 水样采集、检测及评价

采集两个供水系统水样,检测总大肠菌群、菌落总数指标。每个供水系统设置出厂水采样点1个,采集1份水样;家庭储水容器采样点10个,每个采样点采集1份水样(仅间歇式供水系统);每个供水系统末梢水采样点20个,均匀分布在两个供水系统管网从近端到远端的各个位点。考虑到两种供水系统的水质变化特点,对于间歇式供水,在每个末梢水采样点采集水样3份,分别于恢复供水瞬间(水质变化大)、恢复供水5 min后(水质不稳定)和恢复供水30 min后(水质稳定)采集。对于连续供水,在每个末梢水采样点采集水样2份,分别采集打开水龙头瞬间的水头水(水质可能不稳定)和放水5 min后的水(水质稳定)。

水样的采集与检测方法参照 GB/T 5750—2006《生活饮用水标准检验方法》。样品的检测由当地经过计量认证的疾病预防控制中心实验室完成。参照 GB 5749—2006《生活饮用水卫生标准》中微生物指标限值对水样水质进行评价：100 mL 饮用水中不得检出总大肠菌群，饮用水中菌落总数限值为 100 CFU·mL⁻¹，微生物含量超过限值即判定该水样不合格。

1.3 微生物定量风险评估方法

1.3.1 风险评估 选择总大肠菌群为致病微生物的指示菌，以暴露人群中个体感染致病微生物为最终健康效应，以暴露个体长期接触致病微生物的年感染风险概率值表征健康效应的大小，运用微生物定量风险评估方法^[6]确定暴露个体致病微生物摄入量与健康效应之间的数量关系。研究表明，总大肠菌群暴露剂量与感染风险的剂量-反应关系适用β-泊松分布模型^[7-8]，见公式(1)：

$$P_d = 1 - (1 + d/\beta)^{-\alpha} \quad \text{公式(1)}$$

其中： P_d 为日感染风险概率，指暴露个体在1d内摄入被致病微生物污染的饮用水后机体感染致病微生物的风险概率； α 、 β 为模型中宿主-微生物相互作用的特征参数，由人体试验得到参数值， $\alpha=0.1705$ ， $\beta=1.6 \times 10^6$ ^[9]； d (CFU·d⁻¹) 为日暴露剂量，指暴露个体1d经摄入途径暴露的致病微生物的平均剂量，由水样中微生物总数 (CFU·mL⁻¹) 与暴露人群人均日饮水量 (mL·d⁻¹) 相乘所得。根据2013年发布的《中国人群暴露参数手册(成人卷)》，考虑到地理分布和季节影响，本研究人均日饮水摄入量取 $P_5 \sim P_{95}$ ，为 (575~4600) mL·d⁻¹^[10]。

暴露人群中个体由于长期接触致病微生物后机体被致病微生物感染的年风险概率见公式(2)：

$$P_y = 1 - (1 - P_d)^{365} \quad \text{公式(2)}$$

式中： P_y 为年感染风险概率，指暴露人群长期摄入(≥1年)被致病微生物污染的饮用水后个体感染致病微生物的年风险概率。

1.3.2 不确定性分析 由单次或有限次数采集水样检测的微生物含量来估计实际水体中微生物浓度会有一定偏差性，不能准确反映暴露人群致病微生物的实际日暴露剂量，最终导致暴露人群的致病微生物年感染风险概率产生不确定性。为降低由样本估计总体而导致的的不确定性，本研究采用蒙特卡罗模拟法，通过10000次抽样模拟，得到两个供水系统的年感染风险的概率密度分布。

1.4 统计学分析

采用EpiData 3.1软件建立数据库，数据双录入并进行一致性检验。使用SPSS 17.0软件进行统计分析，使用水晶球软件进行蒙特卡罗模拟。计算水样中微生物指标的超标率；用水样中微生物含量测量值的对数转换值进行组间差异性比较，符合正态分布的数据用 $\bar{x} \pm s$ 描述，符合正态分布且方差齐的计量资料比较采用t检验法或方差分析；呈偏态分布的数据用M(P_{25} , P_{75})描述，计量资料比较采用Wilcoxon符号秩和检验法或Kruskal-Wallis检验法；计数资料比较采用卡方检验，检验水准 $\alpha=0.05$ 。

2 结果

2.1 供水系统基本情况

间歇式供水水厂和连续供水水厂均采用单村供水模式，即一个水厂采用一种供水系统，负责一个村庄所有村民的生活用水。间歇式供水水厂以地下水为水源，每日仅供水1次；连续供水水厂也以地下水为水源，每日不间断供水。两家水厂的水源类型、水处理工艺、水消毒情况相同，覆盖人口数及村庄总户数等基线情况基本平衡，具有可比性，见表1。

表1 间歇式供水水厂和连续供水水厂的供水基本情况
Table 1 Basic information of an intermittent water supply water plant and a continuous water supply water plant

基本情况	间歇式供水水厂	连续供水水厂
覆盖人口数	1100	1350
村庄总户数	320	380
水源类型	地下水	地下水
水处理工艺	无	无
水消毒	无	无
供水频率/(次·d ⁻¹)	1	—
供水时段	10:00—14:00	—

2.2 水质检测结果

2.2.1 出厂水水样 共采集出厂水水样2份，每个供水系统各1份。间歇式供水系统和连续供水系统出厂水水样中总大肠菌群均未检出；间歇式供水系统出厂水水样中菌落总数检测值为26 CFU·mL⁻¹，连续供水系统为6 CFU·mL⁻¹，两份水样均合格。

2.2.2 末梢水水样 共采集末梢水水样100份，其中间歇式供水系统60份，连续供水系统40份。间歇式供水系统末梢水水样中菌落总数超标率为48.3% (29/60)，总大肠菌群超标率为23.3% (14/60)；连续供水系统末梢水水样中两种微生物指标的超标率分别为40.0% (16/40) 和20.0% (8/40)，两种类型供水系

统末梢水水样中的两种微生物指标超标率差异无统计学意义 ($P>0.05$)。

间歇式供水系统末梢水恢复供水瞬间、恢复供水 5 min 后和恢复供水 30 min 后采集的水样中总大肠菌群数量的差异有统计学意义 ($P<0.05$)，其中恢复供水瞬间采集的水样中总大肠菌群含量高于恢复供

水 30 min 后采集的水样 ($P<0.05$)。间歇式供水系统末梢水恢复供水瞬间、恢复供水 5 min 后和恢复供水 30 min 后采集的水样中菌落总数的差异无统计学意义 ($P>0.05$)。连续供水系统末梢水打开水龙头瞬间水样和放水 5 min 后水样中总大肠菌群和菌落总数均无统计学差异 ($P>0.05$)。见表 2。

表 2 间歇式供水系统和连续供水系统末梢水水质微生物指标检测值 (对数值)

Table 2 Microorganism results of tap water samples from an intermittent water supply system and a continuous water supply system (lg)

微生物指标	间歇式供水水样			连续供水水样	
	恢复供水瞬间 (n=20)	恢复供水 5 min 后 (n=20)	恢复供水 30 min 后 (n=20)	打开水龙头瞬间 (n=20)	放水 5 min 后 (n=20)
菌落总数 $\bar{x}\pm s$ (lg CFU·mL ⁻¹)	2.40±1.02	1.91±0.93	2.04±0.69 ^b	1.89±0.79	1.62±0.62
总大肠菌群 $M(P_{25}, P_{75})$ (lg CFU·100 mL ⁻¹)	2.11 (1.69, 2.38) ^{ac}	1.23 (0.96, 1.81)	0.30 (0.30, 0.70)	0.30 (0.30, 0.70)	0.30 (0.30, 1.90)

[注] a: 与连续供水系统打开水龙头瞬间水样相比, $P<0.05$; b: 与连续供水系统放水 5 min 后水样相比, $P<0.05$; c: 与间歇式供水系统末梢水恢复供水 30 min 后水样相比, $P<0.05$ 。

间歇式供水系统末梢水恢复供水瞬间采集的水样中总大肠菌群含量高于连续供水系统末梢水打开水龙头瞬间水样 ($P<0.05$)；间歇式供水系统末梢水恢复供水 30 min 后采集的水样中菌落总数含量高于连续供水系统末梢水放水 5 min 后水样 ($P<0.05$)。

2.2.3 家庭储水容器水样 共采集间歇式供水系统家庭储水容器水样 10 份, 储水水样中菌落总数和总大肠菌群超标率分别为 80.0% (8/10) 和 50.0% (5/10), 与间歇式供水末梢水和连续供水末梢水中两种微生物超标率相比, 差异无统计学意义 ($P>0.05$)。储水水样中菌落总数含量为 2 500 (2 100, 6 300) CFU·mL⁻¹ [对数分布为 (3.20±0.90) lg CFU·mL⁻¹]，总大肠菌群为 2.5 (0, 33.0) CFU·100 mL⁻¹ [对数分布为 1.52 (1.11, 1.52) lg CFU·100 mL⁻¹]。储水水样中菌落总数高于间歇式供水系统末梢水水样和连续供水系统末梢水水样 ($P<0.05$)；储水水样中总大肠菌群含量高于间歇式供水末梢水恢复供水 30 min 后水样 ($P<0.05$)；储水水样中总大肠菌群含量与连续供水末梢水水样相比差异无统计学意义 ($P>0.05$)。

2.3 微生物定量风险评价

2.3.1 风险范围 经公式 (1) 和公式 (2) 计算, 求得间歇式供水系统覆盖人群直接饮用自来水导致个体感染致病微生物的年风险概率的 $M(P_5\sim P_{95})$ 为 0 (0~9 416.65×10⁻⁴)，连续供水系统为 0 (0~3 000.96×10⁻⁴)，差异具有统计学意义 ($P<0.05$)。

2.3.2 不确定性 如图 1 所示, 间歇式供水系统覆盖人群中个体感染致病微生物的年风险概率的 $M(P_5\sim P_{95})$

为 47.67×10⁻⁴ (0~1 392.46×10⁻⁴)，连续供水系统为 4.85×10⁻⁴ (0~182.37×10⁻⁴)，差异具有统计学意义 ($P<0.05$)。

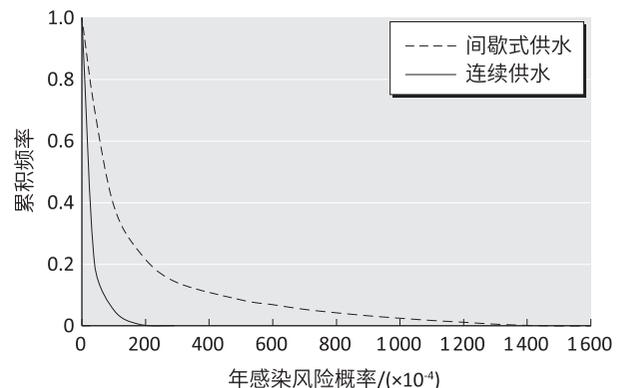


图 1 间歇式供水系统和连续供水系统暴露个体致病微生物年感染风险概率密度分布

Figure 1 The probability distribution of annual infection risk of individuals exposed to pathogenic microorganisms in intermittent and continuous water supply systems

3 讨论

供水系统是以提供连续供水为设计目标, 供水后常由于水资源缺乏、供水网络扩大、技术及资金不足等原因转变为间歇式供水^[3]。采取间歇供水可以降低水厂管理和运行成本、减少水资源消耗等, 但牺牲了供水服务对象的方便程度, 并且带来水质安全隐患。该研究中两供水系统出厂水菌落总数、总大肠菌群均合格, 但在不同供水方式下, 管网末梢水水质存在较大差异。较连续供水系统, 本研究间歇式供水恢复供水初期的末梢水中微生物指标较高, 可能原因如下:

间歇式供水管网在供水阶段处于正压状态,在供水间歇期处于低压或负压状态,微生物易通过管道缝隙入侵管网,停止供水后,微生物易在潮湿的管道内壁繁殖,恢复供水后,管网内微生物会随水流到达用户终端;此外,供水管网压力变化频繁,导致管道内水流不断冲刷内壁,将管道内杂质冲入水流,随管网到达用户终端。Kumpel等^[3]研究也表明间歇式供水会给用户带来额外的微生物暴露风险。随着间歇式供水恢复供水时间的延长,管网内水流和水质逐渐趋于稳定,微生物含量低于恢复供水初期水样。对于连续供水系统,本研究结果表明管网中微生物含量较为稳定。

间歇式供水用户为保证各个时段的用水需求,往往采用一些容器进行家庭储水。本研究家庭储水水样中菌落总数超标率高达80.0%,水样中菌落总数高于末梢水水样。家庭储水环境差、储水容器无盖、储水容器材质问题、储水时间过长以及不及时清洗储水容器等均可能导致储水水样中菌落总数增加。储水水样中总大肠菌群含量高于间歇式供水末梢水恢复供水30 min后水样,说明间歇式供水状态下,居民的储水行为增加了供水系统覆盖人群的饮水微生物暴露水平。Ercumen等^[11]研究发现,间歇式供水家庭出血性腹泻患病率比连续供水家庭高37%,报告的伤寒病例也增加了42%。由此可见,间歇式供水系统中由于家庭储水增加的饮水致病微生物暴露风险同样不可忽视。

微生物定量风险评价结果显示,该地间歇式供水覆盖人群长期直接饮用自来水致个体感染致病微生物的年风险概率(中位数为 47.67×10^{-4})高于连续供水系统的年感染风险概率(中位数为 4.85×10^{-4}),表明研究中的间歇式供水系统增加了覆盖人群致病微生物的感染风险,且增加的健康风险在一定比例上高于美国环保署提出的饮水微生物年感染风险可接受水平低于 10^{-4} 这一评判标准^[12]。建议:(1)农村集中式供水应尽量提供连续供水,满足居民的日常供水需要;(2)如确有需求必须采用间歇供水,也要合理设置供水时间,同时加强水质检测和供水管网的维护;(3)结合当地水质情况,选择合适的消毒方式,降低水质微生物的污染;(4)加强居民的健康教育,引导居民在恢复供水后,适当放水后再取用,不以储存水为饮水水源,自来水最好煮沸后再饮用。

本研究存在一定局限性:(1)以总大肠菌群含量表征致病微生物含量在一定程度上放大了致病微生物

的感染风险,但对于初步了解饮水微生物污染现状及定量评估间歇式供水增加的微生物健康风险还是有一定意义的。有研究采用总大肠菌群作为致病微生物指示菌进行微生物健康风险评价^[8],且饮用水中总大肠菌群浓度与致病微生物存在一定相关性,如WHO发表的相关图书中提及,当饮用水中总大肠菌群总数超过10000 CFU/100 mL时可能出现副伤寒^[12];此外,总大肠菌群为饮用水常规水质监测指标,相应的国标检测方法简单快速。(2)由于我国饮用开水的人群比例较大,且饮水来源多样,本研究仅考虑以自来水为饮水水源且以人均日饮水量进行风险评价,在一定程度上高估了饮水微生物的感染风险。(3)本研究的结果为正常成年人的健康风险结果,非人群健康风险结果,故未能考虑人群中不同性别、年龄对结果的影响。综上所述,本研究结果显示间歇式供水增加了饮用水水质微生物污染风险,增加了人群饮用水微生物暴露与感染风险。

参考文献

- [1] SIMUKONDA K, FARMANI R, BUTLER D. Intermittent water supply systems: causal factors, problems and solution options [J]. *Urban Water J*, 2018, 15 (5): 488-500.
- [2] LI H, COHEN A, LI Z, et al. Intermittent water supply management, household adaptation, and drinking water quality: a comparative study in two Chinese provinces [J]. *Water*, 2020, 12 (5): 1361.
- [3] KUMPEL E, NELSON K L. Intermittent water supply: prevalence, practice, and microbial water quality [J]. *Environ Sci Technol*, 2016, 50 (2): 542-553.
- [4] BAUTISTA-DE LOS SANTOS Q M, CHAVARRIA K A, NELSON K L. Understanding the impacts of intermittent supply on the drinking water microbiome [J]. *Curr Opin Biotechnol*, 2019, 57: 167-174.
- [5] FAN L, LIU G, WANG F, et al. Domestic water consumption under intermittent and continuous modes of water supply [J]. *Water Resour Manage*, 2014, 28 (3): 853-865.
- [6] WHO. Quantitative microbial risk assessment: application for water safety management [M]. Geneva: World Health Organization, 2016: 5-17.
- [7] EPA. Microbial risk assessment guideline: pathogenic microorganisms with focus on food and water [EB/OL].

(下转第642页)

- [10] LI J, MA L, WANG X, et al. Modifications of H3K9me2, H3K36me3 and H4K20me2 may be involved in arsenic-induced genetic damage [J]. *Toxicol Res*, 2016, 5 (5) : 1380-1387.
- [11] TAUHEED J, SANCHEZ-GUERRA M, LEE JJ, et al. Associations between post translational histone modifications, myelomeningocele risk, environmental arsenic exposure, and folate deficiency among participants in a case control study in Bangladesh [J]. *Epigenetics*, 2017, 12 (6) : 484-491.
- [12] 李军, 马璐, 谢琅, 等. H3K36me3 调控 O⁶-甲基鸟嘌呤 DNA 甲基转移酶基因与砷致人皮肤角质形成细胞 DNA 损伤的关系 [J]. *中华地方病学杂志*, 2017, 36 (2) : 107-112.
- LI J, MA L, XIE L, et al. Relationship between O⁶-methylguanine-DNA methyltransferase gene regulated by H3K36me3 and DNA damage induced by arsenic in HaCaT Cells [J]. *Chin J Endemiol*, 2017, 36 (2) : 107-112.
- [13] SUPEK F, LEHNER B. Clustered mutation signatures reveal that error-prone DNA repair targets mutations to active genes [J]. *Cell*, 2017, 170 (3) : 534-547.e23.
- [14] LI X J, LI Q L, JU L G, et al. Deficiency of histone methyltransferase SET domain-containing 2 in liver leads to abnormal lipid metabolism and HCC [J]. *Hepatology*, 2021, 73 (5) : 1797-1815.
- [15] LIU L, GENG X, CAI Y, et al. Hepatic ZIP8 deficiency is associated with disrupted selenium homeostasis, liver pathology, and tumor formation [J]. *Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol*, 2018, 315 (4) : G569-G579.
- [16] RAY P D, HUANG B W, TSUJI Y. Coordinated regulation of Nrf2 and histone H3 serine 10 phosphorylation in arsenite-activated transcription of the human heme oxygenase-1 gene [J]. *Biochim Biophys Acta (BBA) -Gene Regul Mech*, 2015, 1849 (10) : 1277-1288.
- [17] XU Y, YU C, ZENG Q, et al. Assessing the potential value of *Rosa Roxburghii* Tratt in arsenic-induced liver damage based on elemental imbalance and oxidative damage [J]. *Environ Geochem Health*, 2021, 43 (3) : 1165-1175.
- [18] 姚茂琳, 张爱华, 于春, 等. 银杏叶片对高砷煤烘玉米粉致大鼠肝损害的干预作用 [J]. *中华地方病学杂志*, 2017, 36 (5) : 333-337.
- YAO M L, ZHANG A H, YU C, et al. Effect of *Ginkgo biloba* on liver injury of arsenic poisoning rats caused by corn flour baked by high-arsenic coal [J]. *Chin J Endemiol*, 2017, 36 (5) : 333-337.
- [19] LEE C C, CHANG W H, CHANG Y S, et al. 4 β -Hydroxywithanolide E modulates alternative splicing of apoptotic genes in Human hepatocellular carcinoma Huh-7 cells [J]. *Sci Rep*, 2017, 7 : 7290.

(英文编辑: 汪源; 责任编辑: 陈姣)

(上接第 611 页)

- [2020-05-10]. <https://www.epa.gov/risk/microbial-risk-assessment-guideline-pathogenic-microorganisms-focus-food-and-water>.
- [8] 叶显贝. 中国东部沿海某市饮用水微生物潜在风险研究 [D]. 杭州: 浙江大学, 2017.
- YE X B. A study of potential microbial risk of drinking water in one of China's eastern coastal cities [D]. Hangzhou : Zhejiang University, 2017.
- [9] 郑平. 环境微生物学 [M]. 杭州: 浙江大学出版社, 2002 : 121-135.
- ZHENG P. Environmental microbiology [M]. Hangzhou : Zhejiang University Press, 2002 : 121-135.
- [10] 赵秀阁, 段小丽. 中国人群暴露参数手册 (成人卷) 概要 [M]. 北京: 中国环境出版社, 2014 : 47-212.
- ZHAO X G, DUAN X L. Highlights of the Chinese exposure factors handbook (adults) [M]. Beijing : China Environment Publishing House, 2014 : 47-212.
- [11] ERCUMEN A, ARNOLD B F, KUMPEL E, et al. Upgrading a piped water supply from intermittent to continuous delivery and association with waterborne illness : a matched cohort study in urban India [J]. *PLoS Med*, 2015, 12 (10) : e1001892.
- [12] WHO. Water quality : guidelines, standards and health : assessment of risk and risk management for water-related infectious disease [M]. Geneva : World Health Organization, 2001 : 35-229.

(英文编辑: 汪源; 责任编辑: 汪源)