MIKROBIOM ČLOVĚKA A MIKROBIOM PITNÉ VODY – PARALELY A SOUVISLOSTI

HUMAN MICROBIOME AND DRINKING WATER MICROBIOME – PARALLELS AND RELATIONSHIPS

ŠÁRKA BOBKOVÁ, DANA BAUDIŠOVÁ, FRANTIŠEK KOŽÍŠEK, HANA JELIGOVÁ

Státní zdravotní ústav, Praha, Česká republika

SOUHRN

Rozvoj některých biologických a molekulárně biologických metod umožnil pohlédnout na přírodní i technické ekosystémy v širším kontextu. A tak je možné zkoumat nejen jedince, ale též celé skupiny mikroorganismů (bakterie, viry, houby a kvasinky) vyskytující se v určitém prostředí (např. ve vodě, v půdě, v lidském střevě), tedy tzv. mikrobiom, a také zjišťovat, jak se různé mikrobiomy ovlivňují, i zda a jak jsou si svým složením podobné. Cílem tohoto příspěvku je shrnout poznatky o mikrobiomu pitné vody a mikrobiomu střev a najít možné paralely a vztahy mezi těmito dvěma systémy. Závěrem je diskutována otázka, zda nové globální přístupy mohou být využitelné i pro sledování kvality pitné, případně recyklované vody.

Klíčová slova: mikrobiom vody, mikrobiom střeva, voda pitná, voda recyklovaná

SUMMARY

The development of modern biological and molecular biological methods made it possible to look at natural or technical ecosystems in a broader context. Therefore, it is possible to study not only a single microorganism but also the entire group of microorganisms (bacteria, viruses, fungi, yeasts) present in a certain ecosystem (e.g. in water, soil, or human gut), the so called microbiome, and also how different microbiomes influence each other and whether they are similar in their composition. The aim of this paper is to summarize the knowledge about the drinking water microbiome and intestinal microbiome and to find possible parallels and relationships between these two systems. Finally, the issue whether new global approaches could be used for monitoring drinking water or reclaimed water quality is discussed.

Key words: water microbiome, intestinal microbiome, drinking water, reclaimed water

<https://doi.org/10.21101/hygiena.a1780>

Úvod

Až do starověkého Egypta bývá datováno staré filosofické pravidlo: „To, co jest dole, jest jako to, co jest nahoře, a to, co jest nahoře, jest jako to, co jest dole“ (viz Smaragdová deska Herma Trismegista). Toto pravidlo má vyjadřovat spojení a provázanost materiálního a duchovního světa či vztah mezi mikrokosmem a makrokosmem. Viděno úhlem lidského zraku a chápání, můžeme hledat a nalézat překvapivé podobnosti a souvislosti mezi ději a strukturami v kosmu (přírodě) a v lidském těle, resp. v lidském těle a jeho orgánech či buňkách. Hledat paralely mezi živou bytostí člověka a neživou – minerální „bytostí“ vody se zdá být poněkud odvážné, ale i v tomto směru byly podniknuty zajímavé pokusy a úvahy (1). Nové vědecké poznatky v oblasti vody i lidského zdraví pak dávají těmto úvahám také zcela jiný rozměr. Byť se zatím jedná o stadium generování hypotéz, které budou v příštích letech pravděpodobně testovány.

Pitnou vodu máme v souvislosti se zdravím spojenou především s infekčními nemocemi z vody, mezi něž pa-

tří například dnes již ve vyspělejších částech světa eliminovaná cholera a břišní tyfus, dále pak stále se vyskytující bacilární úplavice, průjemová onemocnění způsobená viry či prvoky nebo legionelóza. Proto nepřekvapí, že většina studií se týká této problematiky a jen výjimečně byly zkoumány mikrobiologické vlastnosti pitné vody ve vztahu k pozitivnímu vlivu na zdraví, ať už to byly práce na podporu tzv. hygienické hypotézy pro vznik alergie, resp. atopie (2, 3) nebo studie o imunizaci nízkými dávkami vodních prvků (4). Voda však může s velkou pravděpodobností ovlivňovat, ať pozitivně, či negativně, lidské zdraví i dlouhodobě tím, že mění složení střevní mikroflóry. Širší pohled na mikrobiální společenství a jeho vzájemné vztahy s okolím (např. makroorganismem) byl umožněn rozvojem moderních metod nezávislých na kultivaci, jako je sekvenování, průtoková cytometrie či jiné systémové přístupy (proteomika, genomika). Začalo se uvažovat o mikrobiomu (tj. souboru všech mikroorganismů – bakterií, kvasinek, hub, virů a prvků vyskytujících se na jednom místě, např. ve střevech savců) jako o celku, který se postupně vyvíjel mimo jiné i v závislosti na přijímané potravě, a jakáko-

liv změna v jeho složení může mít vliv na lidské zdraví. Dokonce se o něm ve spojitosti s možným ovlivněním různých civilizačních chorob někdy hovoří jako o „druhém mozku“. Co to ale je „zdravý mikrobiom“ a může ho opravdu pitná voda významně ovlivnit?

Střevní mikrobiom

Zažívací trakt člověka představuje složitý systém. V každé části jsou jiné chemické a fyzikální podmínky, a proto i mikrobiální složení a hustota mikroorganismů jsou v různých částech traktu jiné (5). Různé studie uvádějí, že v dutině ústní je cca 10^7 bakterií/ml, v žaludku jejich počet klesá vlivem kyselého prostředí na 10^2 – 10^4 bakterií/ml a distálním směrem se opět postupně zvyšuje na 10^3 – 10^8 bakterií/ml v tenkém střevě a 10^9 – 10^{12} bakterií/ml v tlustém střevě (6–8). Střevní mikrobiom je z hlediska vlivu na zdraví jednoznačně nejdůležitější (9). Podle nové studie bylo identifikováno téměř dva tisíce druhů bakterií, které mohou obývat lidská střeva, nicméně 99 % je tvořeno asi 30–40 druhy (5, 10). Nejvýznamnější z nich jsou zástupci kmenů Bacteroidetes, Firmicutes, Actinobacteria, Proteobacteria a Verrucomicrobia (11), v menší míře potom Fusobacteria, Tenericutes, Spirochaetes a sinice (Cyanobacteria) (12). Ze zástupců domény Archaea, které jsou zastoupeny jen v malém množství, je to především rod *Methanobrevibacter* (13), podílející se na metanogenezi (tvorbě metanu). Asi 0,03 % střevního mikrobiomu tvoří houby, jejichž druhové složení je vysoce variabilní i mezi jednotlivci. Nejčastěji jsou ve střevech přítomné kvasinky rodu *Candida*, případně *Saccharomyces* a plíseň *Cladosporidium* (14). Co se týče virů, tzv. „komensální virom“ je podle dosavadních znalostí tvořen převážně bakteriofágy, tedy viry, které potřebují ke svému množení bakteriální buňku (15).

Střevní mikrobiom pro lidský organismus zajišťuje řadu důležitých funkcí – rozklad komplexních molekul z potravy, ochranu proti patogenům, produkci vitamínů

(vitamin K, B12, niacin, pyridoxin) a cholinu, tvorbu esenciálních mastných kyselin s krátkým řetězcem, modulaci imunitního a nervového systému, podporu detoxikace ad. Tyto funkce však plní pouze v případě, že máme ve střevě bakterie a další mikroby ve správném složení – kvalitě a ve správném poměru – kvantitě. Pokud tomu tak není, může se tato dysbalance podílet na vzniku nejrozličnějších onemocnění, a to nejen onemocnění gastrointestinálního traktu a civilizačních chorob (např. Crohnova choroba, ulcerózní kolitida, kolorektální karcinom, diabetes II. stupně, obezita, alergie, onemocnění kardiovaskulárního systému), ale také kognitivních funkcí (schopnost pamatovat si a učit se) a různých psychických onemocnění (16). Je známo, že např. úprava střevního mikrobiomu dietními a souvisejícími opatřeními může být významným nástrojem v prevenci a léčbě deprese (17). V případě diabetu je prokázána významná korelace mezi výskytem specifických střevních bakterií a vznikem diabetu 2. typu (18). Důležité jsou zejména butyráty (soli kyseliny máslé) produkované bakteriemi *Roseburia intestinalis* a *Faecalibacterium prausnitzii*, jejichž koncentrace byla u diabetiků nižší (19). Složení střevního mikrobiomu není stálé. V průběhu života je ovlivněno širokou škálou faktorů, jako jsou způsob porodu, druh potravy v kojeneckém období, věk, pohybová aktivita, působení stresu, geografický výskyt, užívání léků (hlavně antibiotik a chemoterapeutik) a především složení potravy. Teprve v posledních letech se začalo jako o dalším faktoru uvažovat i o pitné vodě (9).

Mikrobiom vody

Pitná voda bývá považována za víceméně sterilní, tj. zbavenou všech živých organismů. Ovšem např. metodou průtokové cytometrie, případně DAPI barvením se ukázalo, že i v dezinfikované pitné vodovodní vodě je asi 10^6 – 10^8 mikroorganismů/litr (20–22) a že většinu této mikrobiální populace tvoří právě bak-

Tab. 1. Souhrn bakterií nejčastěji se vyskytujících v mikrobiomu pitné vody. Ve většině studií jsou tyto bakterie identifikovány taxonomicky na úrovni kmenů a tříd, nižší taxonomická zařazení jsou pro takto rozdílné systémy složitá. V některých případech byly identifikovány i rody.

Kmen	Třída	Čeleď, příp. rod	Reference
Proteobacteria	Alfaproteobacteria	Sphingomonadaceae, Rhizobiaceae, Caulobacteraceae, Methylobacteriaceae	23, 25–27
	Betaproteobacteria	Burkholderiaceae, Methylophilaceae, Comamonadaceae, Rhodocyclaceae	23, 25–27
	Gamaproteobacteria	Moraxellaceae, Aeromonadaceae, Enterobacteriaceae (rody Citrobacter, Enterobacter, Klebsiella), Pseudomonadaceae (rody Pseudomonas), Xanthomonadaceae (rod Xanthomonas), Legionellaceae	23, 26, 27
Nitrospira		Nitrospiraceae, rod Nitrospira	25–27
Acidobacteria			25–28
Bacteroidetes			26–28
Chloroflexi			26
Actinobacteria		Mycobacteriaceae (rod Mycobacterium), Micrococcaceae (rod Arthrobacter), Corynebacteriaceae (rod Corynebacterium)	25, 27, 28
Cyanobacteria			27, 28
Firmicutes		Bacillaceae (rod Bacillus), Staphylococcaceae (rod Staphylococcus)	27, 28
Verrucomicrobia			27

terie. Mikrobiom pitné vody zahrnuje mikroorganismy přítomné ve vlastní vodě, dále pak na stěnách potrubí ve formě biofilmu, v usazeninách a na pevných částech transportovaných systémem. Přičemž v biofilmu a usazeninách je asi 98 % všech mikroorganismů přítomných v potrubí. Co do složení se jednotlivé mikrobiomy pitné vody samozřejmě liší např. v závislosti na zdroji surové vody (23, 29), způsobu úpravy vody, typu dezinfekce, materiálu potrubí, případně době zdržení vody v potrubí. I přesto je možné v literatuře najít některá zobecnění týkající se bakterií společných pro většinu systémů, v angličtině tzv. „core microbiom“. Tato zobecnění vycházejí převážně z globálních analýz nezávislých na kultivaci, především ze sekvenace 16S rRNA (24, 30). Ve většině systémů bylo možno identifikovat Proteobacteria (hlavně třídy Alfa a Beta, v menší míře Gamaproteobacteria) (25, 26), Nitrospira (25–27), Acidobacteria, Bacteroidetes (26–28), Chloroflexi (26), Actinobacteria (25, 27, 28), Firmicutes, Verrucomicrobia a sinice (Cyanobacteria) (27, 28) (viz tab. 1). Je zajímavé, že Proteobacteria, Bacteroidetes a Actinobacteria byly nalezeny obecně ve většině systémů bez ohledu na způsob dezinfekce, z nich ale rody *Mycobacterium* a *Pseudomonas* byly ve větším množství a častěji identifikovány v chlorem dezinfikovaných systémech, kdežto bakterie rodu *Legionella* a *Nitrospira* v systémech, kde není používána dezinfekce na bázi chloru, ale v nichž je omezení růstu mikroorganismů dosaženo minimalizací koncentrace dostupného asimilovatelného uhlíku (25). Toto samozřejmě nic neříká o účinnosti různých způsobů dezinfekce a o kvalitě vod, ale je dobré mít tuto informaci na paměti pro případné další studie a zobecňující porovnání.

Vedle bakterií obsahuje vodní mikrobiom též malé množství eukaryotických mikroorganismů, např. hub (plísň, kvasinek), prvoků (améb) apod. Améby jsou většinou součástí biofilmu na vnitřním povrchu potrubí, jsou rezistentní k různým dezinfekčním prostředkům, a proto mohou sloužit jako intracelulární rezervoár bakterií, včetně bakteriálních patogenů, jako jsou mykobakterie, legionely a chlamydie.

Vztah střevního a vodního mikrobiomu

Domněnka, že mikrobiom střev je ovlivněn mimo jiné též mikrobiomem vody, je podložena několika pozorováními. Jednak pitnou vodu konzumujeme tak často a pravidelně, že by bylo překvapivé, kdyby neovlivňovala střevní mikrobiom podobně, jako jej ovlivňuje složení naší stravy. Dalším argumentem je fakt, že mikroorganismy žijící ve vodě jsou schopné přežít i v gastrointestinálním traktu a způsobovat různá infekční onemocnění. Kromě toho se ukázalo, že některé bakteriální skupiny jako např. *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* a *Firmicutes* nalézáme jak v pitné vodě, tak v mikrobiomu střev zdravých lidí. Což je spíše vlivem konzumace vody než výsledkem nezávislé evoluce dvou systémů. Frigidakis a kol. porovnávali střevní mikrobiom skupiny obyvatel Tanzanie žijících se lovem a sběrem během období sucha a deště (31). Vědci zjistili, že mikrobiom se mění v závislosti na období a že některé druhy se nacházejí jak ve střevech (*Prevotellaceae*, *Spirochetaceae*), tak v okolním zdroji vody používaném

k pití. Stejně tak střevní bakterie, které byly během části roku (např. období sucha) nedetekovatelné, se ve střevech opět objevily v období deště. Podobný trend přítomnosti daných bakterií byl pozorován i v okolním prostředí. Je otázkou, zda se zmiňované bakterie objevily ve střevě domorodců konzumací dané vody, nebo zda byl naopak vodní zdroj kontaminován fekáliemi domorodců. Každopádně může být ale pozorovaný jev jedním z příkladů vzájemného vztahu dvou mikrobiomů.

Vedle toho je zajímavé zjištění, že stejný zdroj vody může odlišně ovlivňovat zdraví lidí tomuto zdroji uvyklých a návštěvníků. To bývá příčinou tzv. cestovatelských průjmů, které se v různých částech světa nazývají jinak (Faraonova nemoc v Egyptě, Sultánova nemoc v Turecku, Montezumova nemoc v Mexiku). Všechny jsou způsobeny především bakteriemi, v menší míře i viry, vyskytujícími se ve vodě a stravě. Jednou z příčin, vedle specificky vytvořené imunity, může být právě různé mikrobiální osídlení střev obyvatel různých geografických oblastí.

Pitná voda se tedy podílí na složení střevní mikrobioty, nicméně k pochopení vztahu a vzájemných interakcí obou mikrobiomů bude ještě třeba dalších studií. Bude nutné pokusit se odlišit vliv vodní mikrobioty od ostatních zásadních vlivů, především stravy. Zde by byly zajímavé například studie na bezmikrobních zvířatech.

Dále bude zajímavé zjistit, jak zbytkový chlor či jiný oxidant ve vodě ovlivňuje složení střevního mikrobiomu. Doposud – odhlédneme-li od vedlejších produktů dezinfekce – byl názor takový, že přímý toxický účinek chloru na lidský organismus může nastat až při koncentracích nad 5 mg/l. Víme-li ale, že na bakterie ve vodě mají vliv již mnohem nižší koncentrace chloru, nabízí se otázka, zda nemohou negativně ovlivňovat i složení lidského mikrobiomu, ať už přímo nebo přes nežádoucí složení mikrobiomu vody.

Vzhledem k tomu, že součástí léčby některých chronických onemocnění (cukrovka, deprese apod.) jsou dietní opatření, je dobré vědět, zda v tomto případě nehraje svou roli i konzumovaná voda. S její kvalitou totiž souvisí i nový trend v hospodaření s vodou, kterým je snaha vyrábět pitnou vodu nejen z vody podzemní či povrchové, ale též z vody dešťové či z části vody odpadní (šedě). To sice zatím není realita v České republice, avšak v mnoha jiných zemích světa již ano, především kvůli suchu a nedostatku sladkovodních zdrojů. Různé studie ukazují, že přečištěná voda může dosahovat co do počtu kultivovatelných mikroorganismů kvality vody pitné, nicméně o velké skupině nekultivovatelných mikroorganismů se mnoho neví. Navíc i chemické složení recyklované vody je odlišné od vody pitné, což může mít důsledky nejen ve vlastním vodovodním potrubí (jiný chemismus vody může vést k rozrušení biofilmů a uvolnění potenciálních patogenů do recyklované vody), ale také ovlivňovat střevní epitel a mikrobiotu spotřebitele. Z tohoto důvodu bude tedy důležité analyzovat i mikrobiom recyklovaných vod určených (nejen) ke konzumaci.

V České republice se zatím o využití recyklovaných vod k pitným účelům neuvažuje (pomineme-li snahy některých jednotlivců vybudovat absolutně soběstačný dům), předpokládají se však různé užitkové účely jako splachování WC, úklid, zalévání apod. Zde může použití vody jiné jakosti vést k negativnímu ovlivnění lid-

ského mikrobiomu, např. šířením bakterií aerosolem či konzumací zeleniny zalévané takovouto vodou.

Závěr

Na mikrobiom pitné vody můžeme nahlížet ze dvou stran: jako na vlastnost vody per se (samu o sobě), která reflektuje podmínky daného systému zásobování, i jako na vlastnost vody ve vztahu ke zdraví člověka. Dnes je již zřejmé, že mikrobiom vody je novou samostatnou charakteristikou, kterou budeme muset brát v budoucnu v úvahu, budeme-li chtít popsat její kvalitu ve své celistvosti.

Podobně jako má každá podzemní voda z určité zvodně vlastní charakteristické a s jinou vodou nezaměnitelné chemické složení, tak pitná voda v každém vodovodu či distribuční síti bude mít svůj typický mikrobiologický „otisk prstu“ v podobě stávajícího mikrobiomu. Je to charakteristika, která jde mnohem dále, než je současné pouhé ověření (ne)přítomnosti vybraných indikátorů fekálního znečištění nebo „oživení vody“ v podobě počtů kolonií kultivovatelných při 22 nebo 36 °C. Vystává tím před námi mnohem plastičtější obraz „zdravotního stavu“ vody po stránce biologické.

Úkolem nejbližších let bude popsat určité typické znaky vodního mikrobiomu, které nám poskytnou informaci o tom, jaká je biologická stabilita vody, kvalita trubních materiálů, vliv chemických látek ve vodě přirozeně přítomných nebo používaných při úpravě vody a dalších faktorů zmíněných výše. Určité složení mikrobiomu vody může sloužit jako další ochranná bariéra při zajištění mikrobiologické nezávadnosti vody – tím, že vzájemná kompetice bakterií nedovolí dlouhé přežívání externě zanesených patogenů nebo umožní jen omezené pomnožování podmíněných patogenů, které mají ve vodě své přirozené životní prostředí (jako jsou třeba legionely) – pak by se jednalo o jasnou paralelu s mikrobiomem střeva.

Poděkování:

Zpracováno s podporou projektu Technologické agentury České republiky „Stanovení hygienických požadavků na recyklovanou vodu využívanou v budovách a v městských vodních sítích“ (TAČR SS01010179).

Střet zájmů: žádný.

LITERATURA

- Schwenk T, Schwenk W. Water: the element of life. New York: Anthroposophic Press; 1989.
- von Hertzen L, Laatikainen T, Pitkänen T, Vlasoff T, Mäkelä MJ, Vartiainen E, et al. Microbial content of drinking water in Finnish and Russian Karelia - implications for atopy prevalence. *Allergy*. 2007 Mar;62(3):288-92.
- Turkalj M, Drkulec V, Haider S, Plavec D, Banić I, Malev O, et al. Association of bacterial load in drinking water and allergic diseases in childhood. *Clin Exp Allergy* 2020;50(6): 733-40.
- Frost FJ, Roberts M, Kunde TR, Craun G, Tollestrup K, Harter L, et al. How clean must our drinking water be: the importance of protective immunity. *J Infect Dis*. 2005 Mar 1;191(5):809-14.
- Hillman ET, Lu H, Yao T, Nakatsu CH. Microbial ecology along the gastrointestinal tract. *Microbes Environ*. 2017 Dec 27;32(4):300-13.
- Sender R, Fuchs S, Milo R. Revised estimates for the number of human and bacteria cells in the body. *PLoS Biol*. 2016 Aug 19;14(8):e1002533. doi: 10.1371/journal.pbio.1002533.
- Mowat AM, Agace WW. Regional specialization within the intestinal immune system. *Nat Rev Immunol*. 2014 Oct;14(10):667-85.
- Kajaba I, Kajabová A, Genčíková M, Genčík B, Lovászová N, Bencko V, a kol. Vývin črevného mikrobiómu - jeho význam pro prevenciu a terapiu. *Hygiena*. 2020;65(1):22-6.
- Rechenburg A. Microbiomes: an undervalued impact of water treatment on human gut health. *WHO CC Newsletter*. 2019;29:1-5.
- Claesson MJ, O'Sullivan O, Wang Q, Nikkilä J, Marchesi JR, Smidt H, et al. Comparative analysis of pyrosequencing and a phylogenetic microarray for exploring microbial community structures in the human distal intestine. *PLoS One*. 2009 Aug 20;4(8):e6669. doi: 10.1371/journal.pone.0006669.
- Huse SM, Dethlefsen L, Huber JA, Mark Welch D, Relman DA, et al. Exploring microbial diversity and taxonomy using SSU rRNA hypervariable tag sequencing. *PLoS Genet*. 2008 Nov;4(11):e1000255. doi: 10.1371/journal.pgen.1000255.
- The Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*. 2012 Jun 13;486(7402):207-14.
- Gaci N, Borrel G, Tottey W, O'Toole PW, Brugère JF. Archaea and the human gut: new beginning of an old story. *World J Gastroenterol*. 2014 Nov 21;20(43):16062-78.
- Hoffmann C, Dollive S, Grunberg S, Chen J, Li H, Wu GD, et al. Archaea and fungi of the human gut microbiome: correlations with diet and bacterial residents. *PLoS One*. 2013 Jun 17;8(6):e66019. doi: 10.1371/journal.pone.0066019.
- Cadwell K. Expanding the role of the virome: commensalism in the gut. *J Virol*. 2015 Feb;89(4):1951-3.
- Quigley EM. Gut bacteria in health and disease. *Gastroenterol Hepatol (NY)*. 2013 Sep;9(9):560-9.
- Dash S, Clarke G, Berk M, Jacka FN. The gut microbiome and diet in psychiatry: focus on depression. *Curr Opin Psychiatry*. 2015 Jan;28(1):1-6.
- Tilg H, Moschen AR. Microbiota and diabetes: an evolving relationship. *Gut*. 2014 Sep;63(9):1513-21.
- Válková T. Střevní mikrobiomy ve vývoji lidských onemocnění [bakalářská práce]. Brno: Masarykova Univerzita; 2017.
- Baudišová D, Pumann P, Šašek J, Dvořáková A, Kuklíková M. Jaké jsou možné dopady vzorkování pitné vody dle nové legislativy na nálezy organotrofních bakterií? In: Říhová Ambrožová J, Pecinová A, editoři. *Vodárenská biologie 2019: sborník konference: 6.-7.2.2019; Praha. Chrudim: Vodní zdroje – Ekomonitor; 2019. s. 20-4.*
- Berney M, Vital M, Hülshoff I, Weilenmann HU, Egli T, Hammes F. Rapid, cultivation-independent assessment of microbial viability in drinking water. *Water Res*. 2008 Aug;42(14):4010-8.
- Henne K, Kahlisch L, Brettar I, Höfle MG. Analysis of structure and composition of bacterial core communities in mature drinking water biofilms and bulk water of a citywide network in Germany. *Appl Environ Microbiol*. 2012 May;78(10):3530-8.
- Perrin Y, Bouchon D, Delafont V, Moulin L, Héchard Y. Microbiome of drinking water: a full-scale spatio-temporal study to monitor water quality in the Paris distribution system. *Water Res*. 2019 Feb 1;149:375-85.
- Pinto AJ, Xi C, Raskin L. Bacterial community structure in the drinking water microbiome is governed by filtration processes. *Environ Sci Technol*. 2012 Aug 21;46(16):8851-9.
- Bautista QM, Schroeder J, Sevillano-Rivera M, Sunghthong R, Ijaz U, Sloan W, et al. (2016). Emerging investigators series:

- microbial communities in full-scale drinking water distribution systems – a meta-analysis. *Environ Sci Water Res Technol*. 2016 Mar;2:631-44.
26. Zhang Y, Liu WT. The application of molecular tools to study the drinking water microbiome - current understanding and future needs. *Crit Rev Environ Sci Technol*. 2019;49(13):1188-235.
 27. Liu G, Verberk JQ, Van Dijk JC. Bacteriology of drinking water distribution systems: an integral and multidimensional review. *Appl Microbiol Biotechnol*. 2013 Nov;97(21):9265-76.
 28. Holinger EP, Ross KA, Robertson CE, Stevens MJ, Harris JK, Pace NR. Molecular analysis of point-of-use municipal drinking water microbiology. *Water Res*. 2014 Feb 1;49:225-35.
 29. Henne K, Kahlisch L, Höfle MG, Brettar I. Seasonal dynamics of bacterial community structure and composition in cold and hot drinking water derived from surface water reservoirs. *Water Res*. 2013 Oct 1;47(15):5614-30.
 30. Maguvu TE, Bezuidenhout CC, Kritzinger R, Tsholo K, Platjie M, Molale-Tom LG, et al. Combining physicochemical properties and microbiome data to evaluate the water quality of South African drinking water production plants. *PLoS One*. 2020 Aug 13;15(8):e0237335. doi: 10.1371/journal.pone.0237335.
 31. Fragiadakis GK, Smits SA, Sonnenburg ED, Van Treuren W, Reid G, Knight R, et al. Links between environment, diet, and the hunter-gatherer microbiome. *Gut Microbes*. 2019;10(2):216-27.

Došlo do redakce: 24. 3. 2021

Přijato k tisku: 24. 5. 2021

RNDr. Šárka Bobková, PhD.

Státní zdravotní ústav

Šrobárova 48/49

100 00 Praha 10

Česká republika

E-mail: voda@szu.cz