

DOI:10.11918/202408041

# 户内热水供水管道特殊水力工况对微生物生长的影响

敖誉旗, 杨欣欣, 王烨兴, 林炯, 周一粟, 蒋学晨阳, 柳景青

(浙江大学 建筑工程学院, 杭州 310058)

**摘要:** 户内热水供水管道高温环境和户内用水模式的差异使其具有特殊的管道微生物群落特征, 从而对用户用水安全性。为此, 搭建非循环式户内热水供水管道模拟试验平台, 研究户内热水供水系统高变流(HIG)、低变流(LOW)、恒定流量(SS)和滞留(R)4种特殊水力工况对微生物生长的影响。试验平台运行91 d后采集相应的生物膜样和管网水样, 分析样品中的细菌数量, 通过16S rRNA基因测序方法分析样品的微生物群落结构和潜在致病菌属的存在水平, 评估样品的潜在致病风险。结果表明: R工况水样和膜样的微生物数量最高, 两种连续变化流量工况HIG和LOW的微生物数量较低, 活菌更倾向于在生物膜上定殖, 膜样中的潜在致病菌属数量和相对丰度更高; 连续变化流量工况膜样中的3种典型潜在致病菌属, 即假单胞菌属、军团菌属和分枝杆菌属的相对丰度也更高, 具有更高的潜在致病风险。

**关键词:** 户内热水供水管道; 水力工况; 微生物群落结构; 潜在致病菌属

中图分类号: TU991

文献标志码: A

文章编号: 0367-6234(2025)10-0012-09

## Effect of special hydraulic regimes on growth of microorganisms in hot water premise plumbing

AO Yuqi, YANG Xinxin, WANG Yexing, LIN Jiong, ZHOU Yisu, JIANG Xuechenyang, LIU Jingqing

(College of Civil Engineering and Architecture, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China)

**Abstract:** High-temperature environments and variations in hot water premise plumbing create unique microbial community characteristics that impact water safety. This study utilized a simulation platform for non-circulating hot water premise plumbing to investigate microbial growth under the effects of four specific hydraulic regimes: high variable flow (HIG), low variable flow (LOW), steady state (SS), and retention (R) conditions. After 91 days of operation, biofilm and water samples were collected from the simulation platform. The bacterial counts in the samples were measured, and the microbial community structure and the presence of potential pathogens genus were evaluated using 16S rRNA gene sequencing. The results showed that the R condition led to the highest microbial counts in both water and biofilm samples, while the continuously varying flow conditions, LOW and HIG, showed lower counts. Live bacteria demonstrated a propensity to colonize biofilms, exhibiting increased numbers and relative abundances of potentially pathogenic genera in the membrane samples. In addition, biofilms under varying flow conditions exhibited higher relative abundances of three typical potentially pathogenic genera, *Pseudomonas* spp., *Legionella* spp., and *Mycobacterium* spp., indicating a greater potential pathogenic risk.

**Keywords:** hot water premise plumbing; hydraulic regimes; microbial community; potential pathogens genus

户内热水供水管道是户内供水管道的一部分<sup>[1-2]</sup>, 具有较高的温度和间歇性的温度变化, 有利于耐热条件致病菌的繁殖<sup>[3]</sup>, 从而增加饮用水的致病风险。嗜肺军团菌(*Legionella pneumophila*)和鸟型分枝杆菌(*Mycobacterium avium*)等条件致病菌(opportunistic pathogens, OPs), 在热水中的检出频率普遍高于常温<sup>[3]</sup>。户内热水供水管道又有户内各种卫浴设施作为气溶胶形式的OPs的高效传播媒介, 因此, OPs存在水平及其潜在风险更应引起关

注和重视。同时, 自来水微生物组中非OPs占据较大比例, 复杂的生态关系会对OPs的增殖和致病性产生影响<sup>[4]</sup>, 也可能对人体健康造成潜在影响<sup>[5]</sup>。

户内热水供水管道直接面向消费者, 住宅居住人数差异、用水习惯及用水设施的差异都会综合反映在用户的不同用水模式上, 从而形成不同的水力工况并对户内供水管道水质及生物膜的形成造成影响<sup>[6]</sup>。Manuel等<sup>[7]</sup>对紊流、层流和非稳定流3种水力工况进行了平行对比试验, 发现在培养结束后的

收稿日期: 2024-08-19; 录用日期: 2024-10-10; 网络首发日期: 2024-11-20

网络首发地址: <https://link.cnki.net/urlid/23.1235.T.20241120.1008.002>

基金项目: 国家自然科学基金(52070166)

作者简介: 敖誉旗(1998—), 女, 硕士研究生; 柳景青(1972—), 男, 教授, 博士生导师

通信作者: 柳景青, liujingqing@zju.edu.cn

滞留阶段,层流条件下生长出的生物膜增量更大,再次冲刷时生物膜脱落也更加明显;紊流条件下生长的生物膜结构更加紧密,但滞留会使生物膜传质减弱,细菌黏性下降,再次冲刷时生物膜会发生更大程度脱落。姚一欣等<sup>[8]</sup>针对常温条件下的户内供水管道特殊水力工况展开研究,发现高变化流量工况生物膜中的细菌总数高于低变化流量工况。Khu等<sup>[9]</sup>使用生物膜环形反应器研究了高流速、低流速、波动流速和反向流速下的生物膜组成和特征,发现在波动流条件下生物膜附着力最小,更容易脱落。Zhang等<sup>[10]</sup>检测了常温户内供水管道滞留水中含条件致病菌的潜在致病菌属,发现隔夜滞留会使得分枝杆菌属、军团菌属、假单胞菌属等潜在致病菌属丰度增加。然而,目前的研究集中于常温条件下水力工况对户内供水管道中微生物风险的影响,与户内热水供水管道相关的研究较少,尚未有户内特殊水力工况对户内热水供水管道潜在致病风险影响的研究。

通过非循环式户内热水供水管道模拟试验平台,开展了户内热水供水管道中高变流(HIG)、低变流(LOW)、恒定流量工况(SS)与滞留工况(R)4种特殊水力工况对微生物生长的试验研究,试验周期为91 d,试验过程中定期采集水样进行水质指标检测,试验周期结束后采集相应管道的管网水样和生物膜样共27个,采用平板培养法和流式细胞术分析样品中的细菌数量,采用16S rRNA基因测序分析方法对样本微生物群落组成与潜在致病菌属存在水平进行分析,并对潜在致病风险进行评估。

## 1 试验

### 1.1 户内热水供水管道模拟平台

根据HZ市某住宅小区远传水表数据<sup>[1]</sup>,选取两种以24 h为周期的连续变化流量工况,即高变流(HIG)、低变流(LOW),以及一个恒定流量工况(SS)和一个滞留168 h工况(R)作为户内特殊水力工况进行分析。参考文献<sup>[11]</sup>设置SS工况的流量,选择两种连续变化流量工况的总用水量均值,即

0.013 t/h。连续流量工况运行数据如图1所示。滞留工况每次滞留周期结束后打开管线末端水龙头,新鲜水以3.8 L/min持续通过系统28 s,保证试验管道充满新鲜热水,然后停止通水进入下一次滞留周期,以模拟最不利龙头使用频率工况<sup>[12-13]</sup>。采取户内常用的冷热水混合模式<sup>[1]</sup>,将热水器温度设置为65~70℃<sup>[14]</sup>,出水温度控制在理想淋浴水温36~41℃<sup>[15]</sup>,以模拟实际热水用水情况。模拟试验平台与实际户内管网相连,进水从实际户内管道接入,采用非循环流动方式贴近实际用水场景,出水通过水槽直接排走。所有工况持续运行3个月,运行时间段为12月一次年2月。

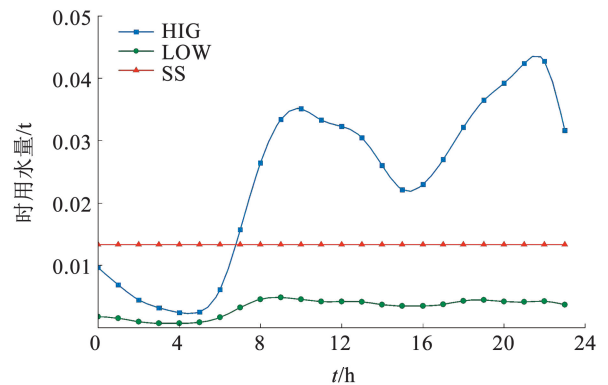


图1 连续流量工况流量设置

Fig. 1 Continuous flow condition flow settings

如图2、3所示,户内热水供水管道模拟平台搭建在HZ市某高校的试验大厅内,设置4根长为3 m、管径DN25的PPR管作为主体试验管道。每根试验管道均由15段0.2 m长的管段通过可拆卸式的活接头连接而成,前后各预留0.5 m确保不受进水和出水水力条件波动的影响,管道外均包裹橡塑保温棉。平台入口处设计连接实际户内管道的储水式电热水器,热水器出水口安装恒温冷热水混合阀。热水经恒温混合阀调节温度后,按设定温度输入各试验管道。两种连续变化流量工况由PLC系统远程控制电动调节阀开度以实现流量连续变化,模拟户内用水模式。

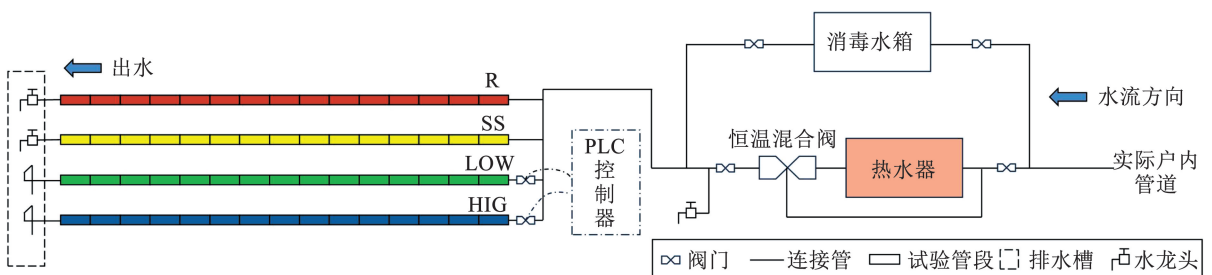


图2 模拟平台示意

Fig. 2 Schematic diagram of the simulation platform

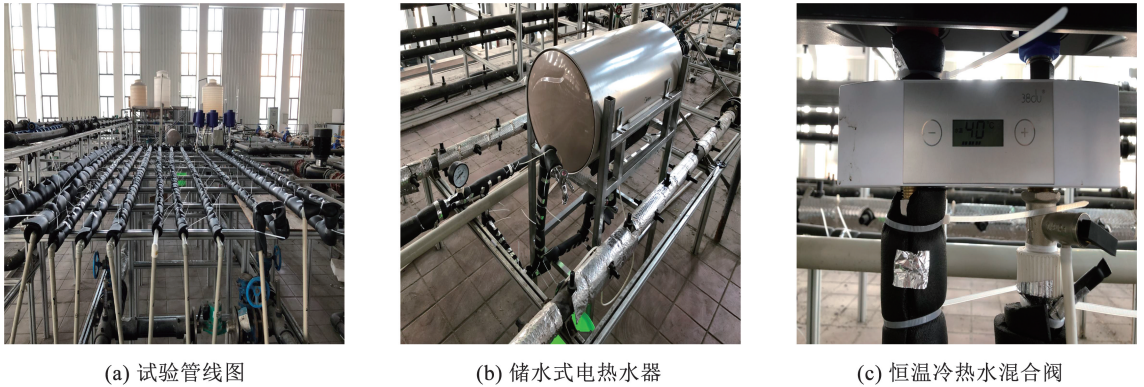


图 3 模拟平台现场图

Fig. 3 On-site photo of the simulation platform

## 1.2 水样水质指标测定

在试验过程中,每隔 168 h 对各个工况的水样进行一次水质指标测定,试验共进行 91 d,水质指标测定共进行了 13 次。滞留工况的检测均在滞留周期结束后进行。检测项目包括水温、溶解氧、余氯、电导率、浊度和 pH,试验过程中的水质指标检测均携带便携式仪器在试验现场完成。

## 1.3 样品采集与预处理

最后一个试验周期结束后,从试验平台热水进水处和出水端重复收集 3 个 2.5 L 水样。每个水样中取 2 L 通过 0.22  $\mu\text{m}$  的无菌 MCE 水系膜,用于后续微生物测序。水样采集完成后,立即关闭平台进水阀,缓慢排净管道余水。待余水排空后,迅速卸下管段进行膜样采集。将拆卸下来的管段置于无菌洁净牛皮纸上,采用灭菌棉布包裹的大头棉棒均匀刷取管道内壁生物膜至内壁洁净,再将棉布取下置于离心管浸泡在无菌水中。参考彭宏熙<sup>[16]</sup>提出的方法,将收集膜样的离心管在冰水浴条件下置于超声波细胞粉碎仪中,超声探头伸入液面下 1 cm,超声 1 min(2%, 13 W),静置 10 min 后收集上清液,重复操作 15 次,获得液体生物膜样本。留取 50 mL 生物膜液体样本用于部分微生物指标检测,剩余样本通过 0.22  $\mu\text{m}$  的无菌 MCE 水系膜,用于后续微生物测序。本次试验共采集水样 15 个,膜样 12 个。

## 1.4 细菌总数及活菌数测定

使用流式细胞仪(FCM)测定细菌总数(total cell concentration, TCC)和活菌数。使用 SYBR Green I 和 PI 双染料进行荧光染色,SYBR Green I 可以将所有细菌染色,PI 可以对细胞壁有破损的细菌进行染色,一般认为可以作为死菌计数<sup>[17]</sup>。双染液染色后,死菌可发出红色荧光,活菌仅发出绿色荧光。生物膜样品需过 40  $\mu\text{m}$  的无菌 MCE 水系膜去除大颗粒,以防止堵塞流式仪。将样品稀释至合适浓度,避光条件下取 1 mL 样品 37  $^{\circ}\text{C}$  水浴 1 min,加入 10  $\mu\text{L}$  染料,染色 15 min 后上机检测。此外采用

R2A 琼脂培养基对膜样进行异养菌平板计数(heterotrophic plate counts, HPC),25  $^{\circ}\text{C}$  条件下培养 7 d。

## 1.5 微生物种群多样性分析

将滤膜样品采用干冰运输的方式送往上海派森诺公司进行 16S rRNA 基因测序,选择 V3-V4 区进行扩增,获得注释、抽平后的 ASV 序列,并使用 R 语言包对其进行物种组成分析、alpha 多样性分析和 beta 多样性分析。

## 1.6 微生物源追踪法

采用基于贝叶斯模型的 Source Tracker<sup>[18]</sup>方法,使用抽平后的 ASV 表作为输入文件,将出水水样中的细菌群落定义为汇(Sink),将进水水样(Source 1)和管壁生物膜(Source 2)的细菌群落作为出水细菌的两个潜在源。Source Tracker 方法能够将汇和潜在源的群落结构进行比较,以估计每个潜在源对汇的贡献程度。分析过程通过文献提供的 R 语言代码进行,采用程序默认设置,得出各工况下管壁生物膜对管网水中微生物的贡献程度。

## 2 结果与讨论

### 2.1 进出水理化指标

在 3 个月试验研究过程中,户内热水供水管道模拟平台进水及各管出水水质理化指标检测值如表 1 所示。进水温度为恒定的 40  $^{\circ}\text{C}$ ,3 种连续流量工况出水口温度保持在试验需要的 36 ~ 41  $^{\circ}\text{C}$ <sup>[15]</sup>。R 工况下,除了滞留结束后 40  $^{\circ}\text{C}$  热水以 3.8 L/min 持续通过 28 s 时的热冲刷及冲刷结束后滞留水温迅速降至室温的过程外,其管道中的水温始终保持在 12.5  $^{\circ}\text{C}$  左右的室温水平。随着温度的降低,水中溶解氧质量浓度上升,电导率下降。各水力工况中,低流速水流条件下形成的生物膜更松散易脱落,高流速下生物膜更紧密,细菌与生物膜的附着度更高,不易脱落<sup>[19]</sup>,因此,浊度水平受生物膜脱落的影响,表现为  $\text{HIG} < \text{SS} < \text{LOW} < \text{R}$ 。滞留工况水样的余氯在各特殊水力工况中最低<sup>[20]</sup>。

表 1 试验过程中进出水理化指标

Tab. 1 Physicochemical indicators of inflow and outflow during the experiment

水质指标		溶解氧/ ( $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ )	pH	浊度/ NTU	电导率/ ( $\text{ms}\cdot\text{cm}^{-1}$ )	余氯/ ( $\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ )	温度/ $^{\circ}\text{C}$
进水	RW	$8.52 \pm 0.34$	$8.08 \pm 0.06$	$0.46 \pm 0.13$	$142.77 \pm 2.55$	$0.15 \pm 0.03$	$40.00 \pm 0.00$
	HIG	$7.96 \pm 0.43$	$8.13 \pm 0.11$	$0.22 \pm 0.08$	$143.25 \pm 1.50$	$0.16 \pm 0.05$	$38.34 \pm 0.71$
出水	LOW	$8.20 \pm 0.49$	$8.20 \pm 0.12$	$0.37 \pm 0.15$	$141.78 \pm 2.54$	$0.15 \pm 0.02$	$36.54 \pm 1.48$
	SS	$8.12 \pm 0.31$	$8.06 \pm 0.14$	$0.24 \pm 0.09$	$142.22 \pm 2.27$	$0.13 \pm 0.03$	$37.57 \pm 1.09$
	R	$10.58 \pm 0.65$	$8.16 \pm 0.41$	$0.41 \pm 0.23$	$138.23 \pm 3.15$	$0.03 \pm 0.02$	$12.50 \pm 3.80$

## 2.2 细菌数量

如图 4(a) 所示, 两种连续变化流量工况管壁生物膜的 HPC 明显低于 SS 和 R 工况。相比 SS 工况, LOW 工况可培养微生物数下降了 92.34%, HIG 工况下的可培养微生物数下降了 96.76%。上述现象表明, 在管网水被加热并保持在  $35 \sim 40^{\circ}\text{C}$  的条件下, 连续变化流量工况管壁生物膜生长较慢, 由于水流的剪切作用, 较小的流量变化扰动就会使得生物膜 HPC 明显下降, 并且在流量变化较大的管道中生物膜的生物量进一步降低。

各样品中的细菌数量见图 4。膜样中 TCC 和活菌数的顺序依次为  $\text{HIG} < \text{LOW} < \text{SS} < \text{R}$ , 3 种连续流量工况下, 随着流量的变化幅度增加, 细菌总数也随之减小。水样中的 TCC 和活菌数则为  $\text{HIG} < \text{SS} < \text{LOW} < \text{R}$ , 这可能受平均流量水平的影响, 平均流量越小, 单位流量的水通过试验管道所需时间越长, 更

多活菌从生物膜释放到水中。Bagh 等<sup>[21]</sup>也发现, 热水系统中的大多数细菌存在于生物膜中, 在户内管道中这种现象更明显。在膜样中, 活菌比例表现为 HIG、LOW 工况高于 SS 和 R 工况, 而在水样中相反, 变化流量的 HIG、LOW 工况低于 SS 工况和 R 工况, 生物膜脱落的内部原因是处于自然凋亡阶段的失活细菌脱落, 在水力作用下更容易被冲刷到水中, 而变化的流速更容易使这部分细菌脱落<sup>[19]</sup>, 导致生物膜中活菌比例上升, 而失活的细菌进入到水中导致水中的活菌比例下降。这表明热水环境中, 在变化的流量影响下, 更多的活菌倾向于在生物膜上定殖。R 工况水样的 TCC 和活菌数、活菌比例均最大, 这可能是因为滞留条件下的生物膜相对更松散, 使得新鲜水在通过冲洗后的滞留管道时, 有更多的细菌释放到水中。

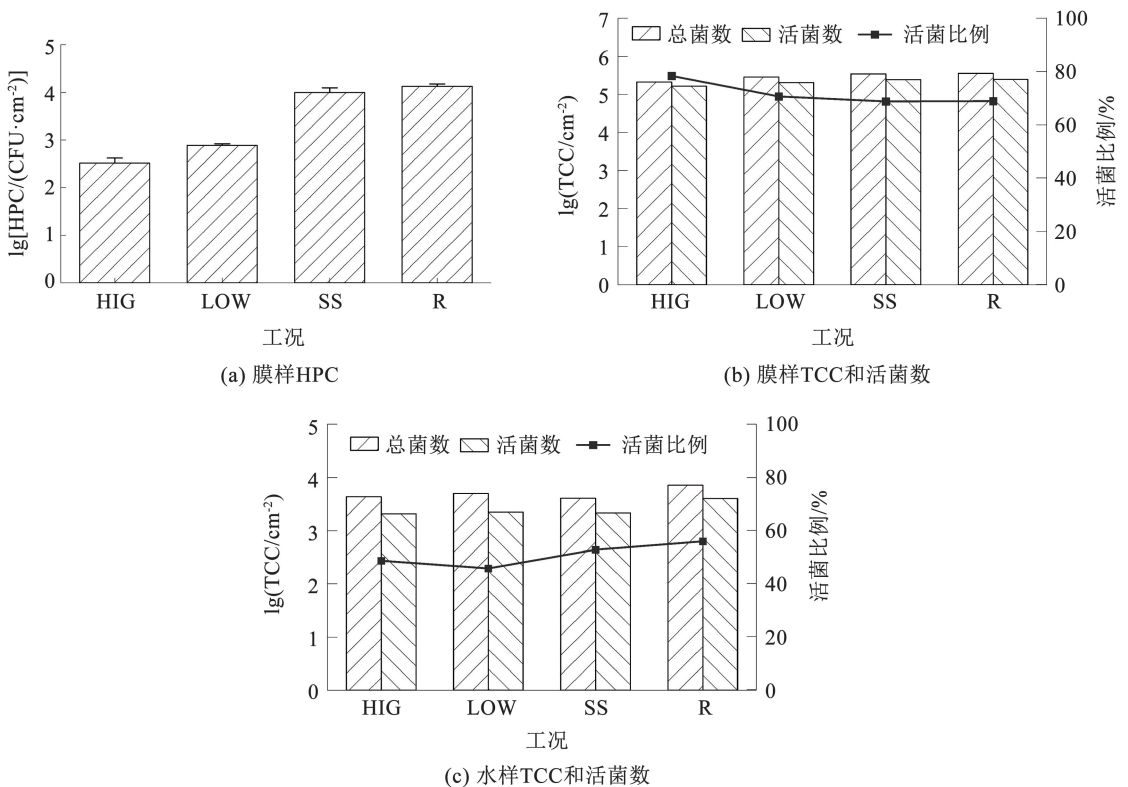


图 4 各工况细菌数量

Fig. 4 Bacterial counts under different conditions

### 2.3 细菌群落结构

#### 2.3.1 物种组成成分分析

本试验共采集水样 15 个、膜样 12 个,16S rRNA 基因测序共获得优化序列 221 427 条,除去一个污染样本外,物种组成情况见图 5、6, W 代表水样, B 代表膜样。不论是在膜样中还是水样中,变形菌门 (81.52% ~99.92%) 都占绝对优势,是相对丰度最高的菌门,这与姚一欣等<sup>[8]</sup>的试验结果一致。此

外,R 工况水样中发现有相对丰度为 10.7% 的厚壁菌门,LOW 工况膜样中发现有 12.58% 的拟杆菌门,SS 工况膜样中发现有 11.4% 的蓝菌门。各样品细菌群落属水平相对丰度如图 6 所示。水样中,相对丰度最高的是 *Phreatobacter* (62.65% ~ 94.08%), 膜样中 *Phreatobacter* 主要在 LOW 工况 (20%) 和 RET 工况 (79.91%) 检出。

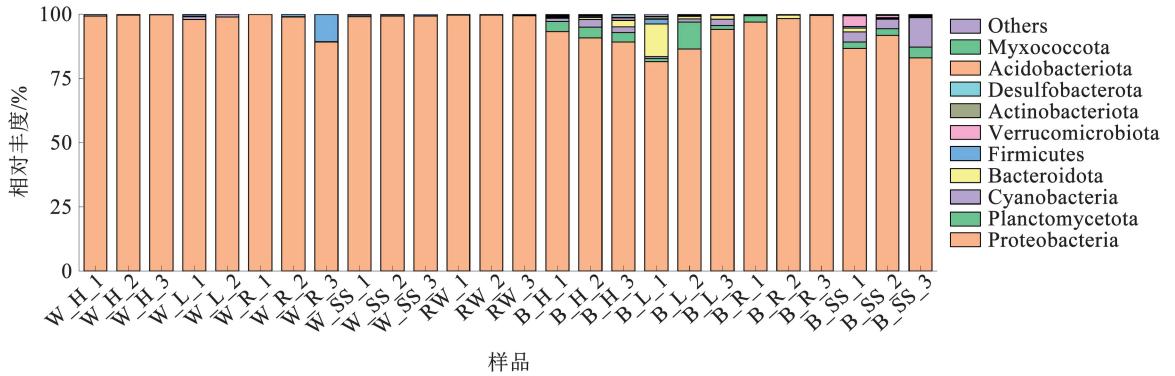


图 5 各样品细菌群落门水平相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of bacterial communities at the phylum level in each sample

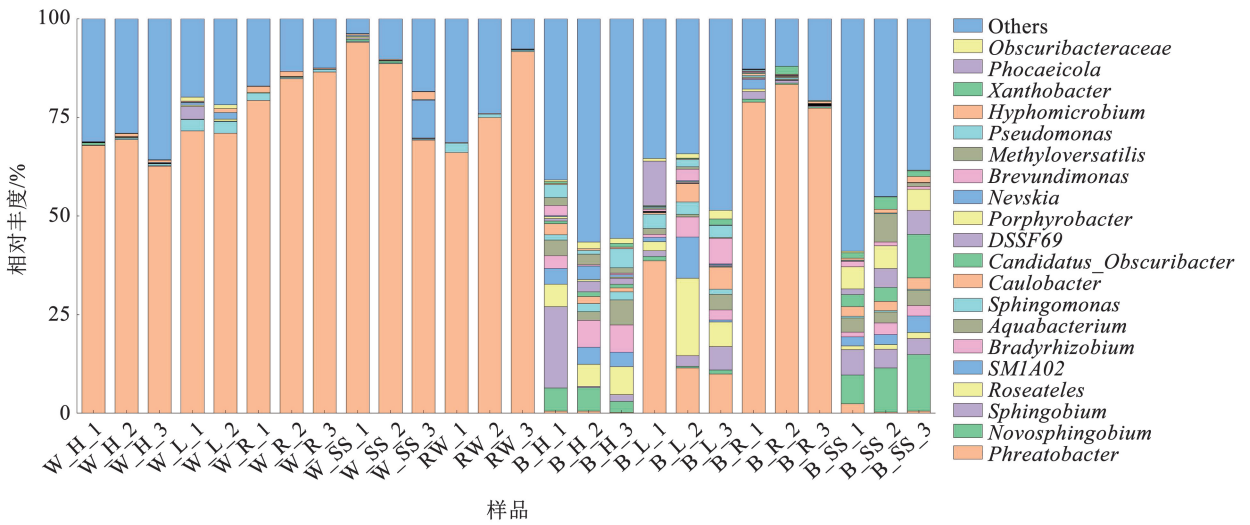


图 6 各样品细菌群落属水平相对丰度

Fig. 6 Relative abundance of bacterial communities at the genus level in each sample

#### 2.3.2 物种多样性分析

各个样本的  $\alpha$  多样性如图 7 所示。水样中, LOW 工况的丰富度相对更高,4 种工况的系统发育多样性均在一定范围内波动,3 种连续流量工况的物种多样性  $HIG > LOW > SS$ ,R 工况的物种多样性水平与 SS 工况接近。膜样中,各工况之间的差异更加明显。R 工况物种多样性水平明显低于其他 3 个

连续流量工况,连续流量工况中 HIG 的物种多样性相对更高。R 工况的丰富度、系统发育多样性和物种多样性均为最低。HIG、LOW、SS 工况生物膜各样品的丰富度、系统发育多样性和物种多样性都大于水样,R 工况膜样的丰富度大于其水样,但膜样中的系统发育多样性和物种多样性水平与水样接近,代表物种多样性的 Simpson 指数在膜样中更低。

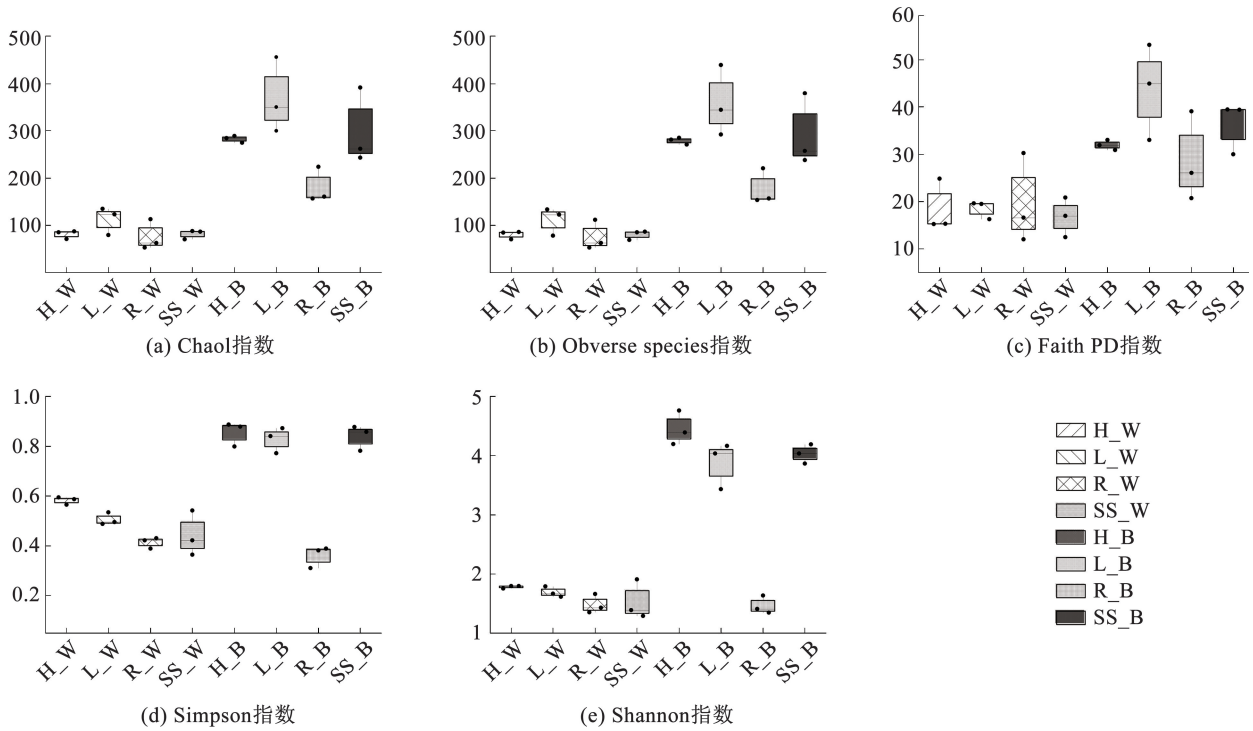


图 7 微生物群落  $\alpha$  多样性指数

Fig. 7 Microbial community  $\alpha$ -diversity indices

基于 Bray Curtis 距离绘制的 PCoA 图如图 8 所示,代表各水样工况的点聚集在一起,这说明它们之间的群落结构相似,其中,代表 R、SS 工况的点之间距离更加接近,代表 LOW 和 HIGH 工况的点之间距离更加接近。而 LOW、HIGH、R、SS 膜样之间的差异显著,其中,代表 LOW 和 HIGH 工况的点之间的距离相对接近,这说明特殊工况中流量的变化对膜样生物膜的影响比对水样中微生物的影响更为显著。此外,R 工况膜样与其水样非常聚集,其管壁生物膜相对松散,易脱落至水中,同时,滞留期间生物膜和水中的微生物充分交换,因此,膜样和水样中的微生物群落结构非常相似。

### 2.3.3 潜在致病菌属存在水平

水样中潜在致病菌属<sup>[22]</sup>的数量和相对丰度如图 9 所示。HIGH、LOW、SS 和 R 工况水样中的潜在致病菌属相对丰度均在较低水平上波动,膜样中潜在致病菌属数量均高于水中。两种连续变化流量工况的潜在致病菌属相对丰度高于滞留和恒定流量工况。这说明在户内用水连续变化流量工况下,生物膜中的潜在致病菌属数量和相对丰度都有增长,潜在致病风险增加。

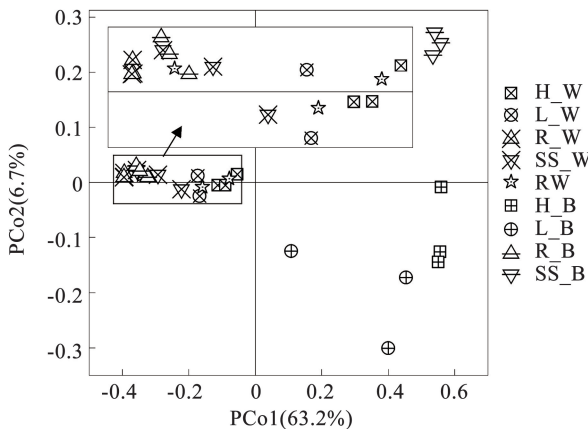


图 8 各样品的 PCoA 图

Fig. 8 PCoA plot for each sample

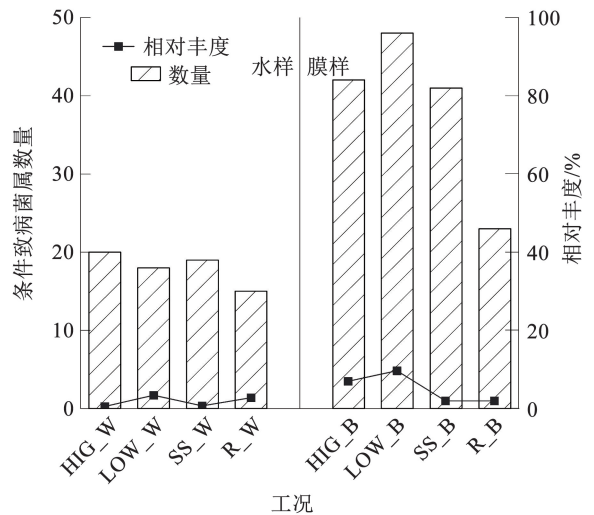


图 9 潜在致病菌属数量和相对丰度

Fig. 9 Number and relative abundance of potential pathogenic genera

对各工况中相对丰度前五的潜在致病菌属进行分析,如图 10 所示。在 HIG 工况的膜样中,假单胞菌属在潜在致病菌属中占 43.67%, 占据主导地位。LOW 膜样中则是短波单胞菌属和鞘氨醇单胞菌属

占比更高,假单胞菌属相对丰度则略低于这两个菌属。SS 工况的膜样中,短波单胞菌属占比更高, R 工况膜样中则是 *Delftia* 占比更高。

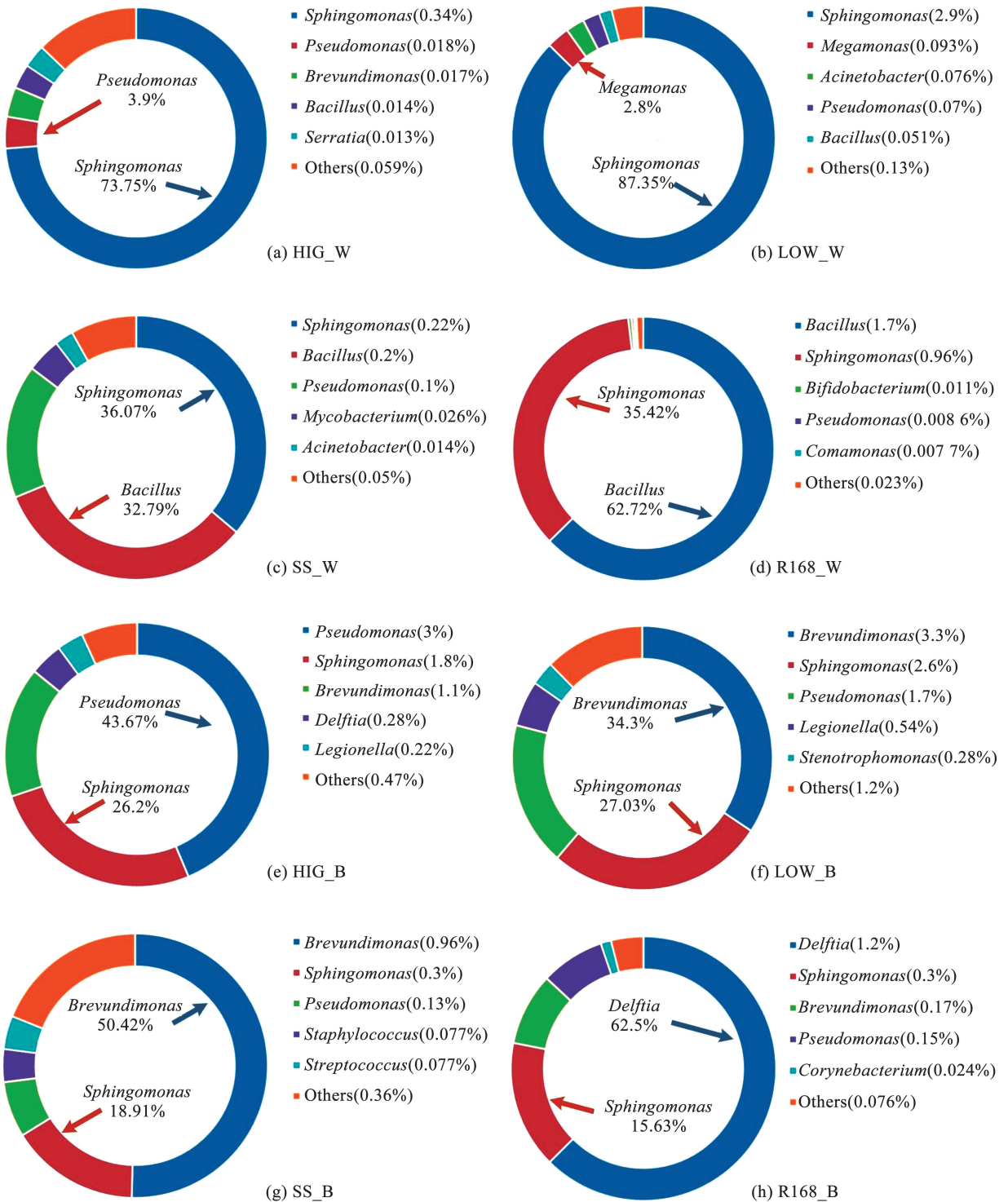


图 10 不同工况中潜在致病菌属分布

Fig. 10 Distribution of potential pathogenic genera

水样中的优势潜在致病菌属和膜样不同。3 种连续流量工况 HIG、LOW 和 SS 中,都是鞘氨醇单胞菌属占据主导地位,芽孢杆菌属相对丰度则随着流

量变化的增大而减小。R 工况中,芽孢杆菌属的相对丰度超过鞘氨醇单胞菌属,成为主导潜在致病菌属。

上述现象说明了不同特殊水力工况条件对膜样和水样中潜在致病菌属有不同的影响,这与此前的研究结果相似。Manuel 等<sup>[7]</sup>发现水力条件的变化会影响生物膜中优势细菌的演替,Fish 等<sup>[23]</sup>认为水力条件会影响微生物自我调节筛选优势菌属的行为,从而改变生物膜结构以适应不利的外部环境。在膜样中,短波单胞菌属更易成为优势菌属,在水样中,芽孢杆菌属受到水力条件的影响,相对丰度则随着流量变化的增大而减小,在滞留工况下成为主导潜在致病菌属。

受到广泛研究的 3 种潜在致病菌属,即假单胞菌属、分枝杆菌属和军团菌属,也在各工况中的优势潜在致病菌属中出现。假单胞菌属在 HIG 工况中是相对丰度最高的潜在致病菌属,并且其相对丰度也高于其他工况。这说明连续变化流量条件会刺激假单胞菌属的生长和增殖,潜在致病风险增加。军团菌属仅在膜样中检出,且仅在特殊水力工况膜样中成为优势潜在致病菌属,这说明军团菌属也是更多在生物膜中定殖,且流量变化的条件会促进军团菌在生物膜中生长。分枝杆菌属在各工况膜样和水样中都有检出,见图 11。在水样中,恒定流量的条件更适合分枝杆菌属的生长,分枝杆菌属的相对丰度随着流量变化程度的增加而降低,在膜样中则相反。膜样中分枝杆菌属的相对丰度随着流量变化程度的增加而上升。这说明分枝杆菌属更大程度上也是在膜样中生长。3 种典型潜在致病菌属随着流量变化的条件下均倾向于在生物膜中定殖,且在流量变化较大的管道中更易于在生物膜中生长,这可能是因为其通过细胞外聚合物(EPS)更好地在生物膜上定殖,且能够抵抗管壁流水产生的剪切力,更难脱落。

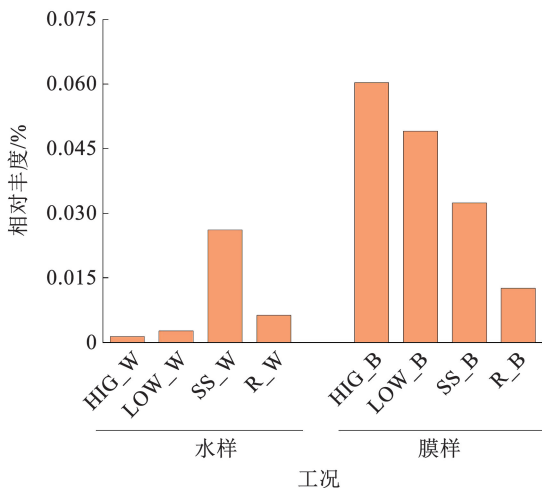


图 11 各工况分枝杆菌属相对丰度

Fig. 11 Relative abundance of *Mycobacterium* spp.

由于典型潜在致病菌属表现出了更倾向于在生物膜上生长的趋势,对各水样中的微生物来源贡献进行了分析。各水样微生物中生物膜贡献程度如图 12。显然,滞留工况下生物膜的贡献程度更高,生物膜对水中微生物的贡献程度达到了 77.85%,这是因为滞留条件下的生物膜更易脱落。而流量变化的条件下,生物膜的贡献程度都高于恒定流量工况,这可能是因为变化的剪切力使得生物膜脱落。而高流量变化的条件下,管壁倾向于生成更加致密的生物膜,使得剪切生物膜的难度增加,从而相对于 LOW 工况降低了贡献率。

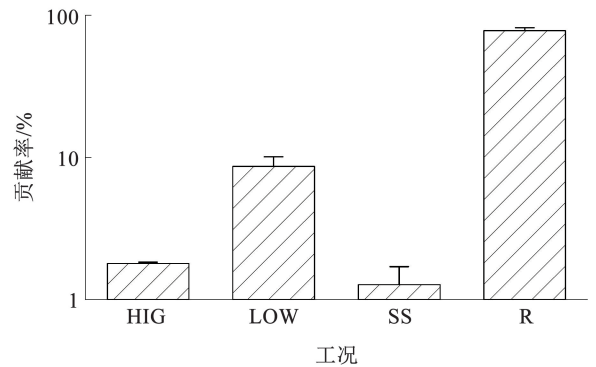


图 12 生物膜对水样微生物的贡献程度

Fig. 12 Contribution of biofilm to microbiome in water samples

### 3 结 论

1) 户内热水供水管道各特殊水力工况下,滞留工况的浊度最高,连续流量工况的平均流量越小,浊度越高。滞留工况水样的余氯在各特殊水力工况中最低。随着温度的降低,水中溶解氧质量浓度上升,电导率下降。

2) 连续变化流量工况下细菌数量较低,物种多样性水平更高,活菌更倾向于在生物膜上定殖。R 工况水样和膜样的细菌数量最高,连续变化流量工况膜样中细菌数量较低,HIG 工况最低。水样中的物种多样性随流量变化的增加而增加,R 工况的物种多样性水平与 SS 工况接近。膜样中,R 工况物种多样性水平明显低于其他 3 个连续流量工况,连续流量工况中 HIG 的物种多样性相对更高。连续变化流量工况可能会选择特定类型的微生物群落,从而导致更多独特的 ASV 出现。此外,R 工况膜样和水样中的微生物群落结构非常相似。

3) 户内热水供水管道连续变化流量工况的潜在致病风险更高。膜样中,潜在致病菌属主要在连续变化流量工况中检出;水样中,主要在 LOW 工况检出。特殊水力工况对水样中潜在致病菌属的影响更大。在膜样中,短波单胞菌属更易成为各工况下

的优势菌属,在水样中,芽孢杆菌属则受到水力条件的影响,相对丰度则随着流量变化的增大而减小,在滞留工况下成为主导潜在致病菌属。3 种典型潜在致病菌属随着流量的变化均倾向于在生物膜中生长和繁殖。

## 参考文献

- [1]姚一欣. 户内供水管道特殊生境对微生物生长的影响研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2023  
YAO Yixin. Study on the influence of premise plumbing special environment on the growth of microorganisms [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2023
- [2]王若玮. 淋浴软管滞留水微生物再生长影响因素及其溯源研究[D]. 长沙: 湖南大学, 2019  
WANG Ruowei. Study on the factors of microbial regrowth in stagnant water and its source tracking in shower hose [D]. Changsha: Hunan University, 2019
- [3]DAI D, RHOADS W J, EDWARDS M A, et al. Shotgun metagenomics reveals taxonomic and functional shifts in hot water microbiome due to temperature setting and stagnation[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 2695. DOI: 10.3389/fmicb.2018.02695
- [4]THOMAS J M, ASHBOLT N J. Do free-living amoebae in treated drinking water systems present an emerging health risk? [J]. *Environmental Science & Technology*, 2011, 45(3): 860. DOI: 10.1021/es102876y
- [5]DAI D, PRUSSIN A J I, MARR L C, et al. Factors shaping the human exposome in the built environment: opportunities for engineering control [J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, 51(14): 7759. DOI: 10.1021/acs.est.7b01097
- [6]WANG H, BÉDARD E, PRÉVOST M, et al. Methodological approaches for monitoring opportunistic pathogens in premise plumbing: a review[J]. *Water Research*, 2017, 117: 68. DOI: 10.1016/j.watres.2017.03.046
- [7]MANUEL C M, NUNES O C, MELO L F. Unsteady state flow and stagnation in distribution systems affect the biological stability of drinking water [J]. *Biofouling*, 2009, 26(2): 129. DOI: 10.1080/08927010903383448
- [8]姚一欣, 杨欣欣, 敖誉旗, 等. 户内供水管道特殊水力工况对微生物生长的影响[J]. *哈尔滨工业大学学报*, 2024, 56(2): 123  
YAO Yixin, YANG Xinxin, AO Yuqi, et al. Effects of special hydraulic regimes of premise plumbing on the growth of microorganisms [J]. *Journal of Harbin Institute of Technology*, 2024, 56(2): 123. DOI: 10.11918/202212005
- [9]KHU S T, XIN C, WANG T, et al. Effects of hydraulic conditions on biofilm detached in drinking water distribution system[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2023, 53: 103882. DOI: 10.1016/j.jwpe.2023.103882
- [10]ZHANG Haihan, XU Lei, HUANG Tinglin, et al. Indoor heating triggers bacterial ecological links with tap water stagnation during winter: novel insights into bacterial abundance, community metabolic activity and interactions[J]. *Environmental Pollution*, 2021, 269: 116094. DOI: 10.1016/j.envpol.2020.116094
- [11]DOUTERELO I, DUTILH B E, ARKHIPOVA K, et al. Microbial diversity, ecological networks and functional traits associated to materials used in drinking water distribution systems[J]. *Water Research*, 2020, 173: 115586. DOI: 10.1016/j.watres.2020.115586
- [12]RHOADS W J, PRUDEN A, EDWARDS M A. Convective mixing in distal pipes exacerbates legionella pneumophila growth in hot water plumbing[J]. *Pathogens*, 2016, 5(1): 29. DOI: 10.3390/pathogens5010029
- [13]林人财, 齐艳冰, 范海燕, 等. 北京市居民家庭生活用水现状及影响因素分析[J]. *中国农村水利水电*, 2021(5): 160  
LIN Rencai, QI Yanbing, FAN Haiyan, et al. An analysis of the present situation and influencing factors of household water consumption in Beijing[J]. *China Rural Water and Hydropower*, 2021(5): 160
- [14]National Academies of Sciences, Engineering and Medicine. Management of legionella in water systems[M]. Washington DC: National Academies Press, 2020:165
- [15]WONG L T, MUI K W, CHAN Y W. Showering thermal sensation in residential bathrooms[J]. *Water*, 2022, 14(19): 2940. DOI: 10.3390/w14192940
- [16]彭宏熙. 供水管道生物膜条件致病菌及毒力基因分布研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2021  
PENG Hongxi. Study on the distribution of opportunistic pathogens and virulence genes in biofilm in drinking water distribution system [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2021
- [17]潘仁杰. 水源切换下管网水质微生物稳定性及控制研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2021  
PAN Renjie. Study on biostability and control measures of drinking water in water distribution system under source switch [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2021
- [18]KNIGHTS D, KUCZYNSKI J, EMILY S C, et al. Bayesian community-wide culture-independent microbial source tracking[J]. *Nature Methods*, 2011, 8(9): 761. DOI: 10.1038/nmeth.1650
- [19]信常春, 张颖, 邱顺添. 给水管网管壁生物膜脱落的影响因素研究现状[J]. *中国给水排水*, 2023, 39(20): 38  
XIN Changchun, ZHANG Ying, QIU Shuntian. Research progress on the influence factors of biofilm detached in drinking water distribution system [J]. *China Water and Wastewater*, 2023, 39(20): 38. DOI: 10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2023.20.006
- [20]HEALY H G, EHDE A, BARTHOLOW A, et al. Responses of drinking water bulk and biofilm microbiota to elevated water age in bench-scale simulated distribution systems [J]. *Biofilms and Microbiomes*, 2024, 10(1): 7. DOI: 10.1038/s41522-023-00473-6
- [21]BAGH L K, ALBRECHTSEN H J, ARVIN E, et al. Distribution of bacteria in a domestic hot water system in a Danish apartment building[J]. *Water Research*, 2004, 38(1): 225. DOI: 10.1016/j.watres.2003.08.026
- [22]ZHANG Shaoping, HE Zhili, MENG Fangang. Floc-size effects of the pathogenic bacteria in a membrane bioreactor plant [J]. *Environment International*, 2019, 127: 645. DOI: 10.1016/j.envint.2019.04.002
- [23]FISH K, OSBORN A M, BOXALL J B. Biofilm structures (EPS and bacterial communities) in drinking water distribution systems are conditioned by hydraulics and influence discoloration [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 593: 571. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2017.03.176