

交互式细菌生长动力学模型的建立及应用

郑飞飞, 陶 涛, 信昆仑, 刘遂庆
(同济大学 环境科学与工程学院, 上海 200092)

摘 要: 建立包含管网中悬浮菌、管壁生物膜、基质浓度和余氯浓度的交互式细菌生长动力学模型, 并使用 EPANET-MSX 求解, 动态地模拟出细菌在给水管网主体水和管壁生物膜上的生长情况, 揭示了管网中悬浮菌、管壁生物膜、基质浓度和余氯浓度之间的相互作用机理, 为管网水质的决策提供了依据。

关键词: 给水管网; 交互式细菌生长动力学模型; 基质浓度; 余氯浓度

中图分类号: TU991 **文献标识码:** C **文章编号:** 1000-4602(2009)13-0108-03

Construction and Application of Interactive Dynamic Model for Bacterial Growth

ZHENG Feifei TAO Tao XIN Kun-lun LIU Su-qing

(School of Environmental Science and Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China)

Abstract The interactive dynamic model for bacterial growth, which contains suspended bacteria wall biofilm, substrate concentration and residual chlorine concentration in water distribution system, was created. The EPANET-MSX (multi-species extension) software was used in collaboration with the model. The model can dynamically simulate bacterial growth conditions in the water distribution system and the main wall biofilm. At the same time, the interaction mechanism of the suspended bacteria, the wall biofilm, substrate concentration and residual chlorine concentration can be demonstrated. The model can provide help for decision making regarding water quality.

Key words water distribution system; interactive dynamic model for bacterial growth; substrate concentration; residual chlorine concentration

目前对饮用水中细菌的研究多把注意力集中在出厂水上, 而对于细菌在管网中的再生长情况却研究甚少。细菌在管网中的生长受到很多因素的影响, 其中最主要的是温度、基质浓度和余氯浓度^[1]。目前对管网中细菌的模拟普遍是基于单因子的, 没有考虑细菌与管网中其他水质成分的相互影响, 忽略了生物项与化学项之间的交互, 不能全面反映管网中水质的变化过程, 故建立一个交互式细菌生长动态模型并应用于实际管网是很有必要的。

1 模型建立及求解

1.1 模型的建立

细菌基于基质的生长模型常采用 Monod 方程;

细菌的衰减常采用劳伦斯—麦卡蒂模型; 细菌吸附与脱落模型常采用一维方程^[2]; 余氯衰减模型采用 Rossman 等^[3]引入的数学模型; 温度和余氯浓度是影响管网中微生物生长的两个重要因素, Servais 等^[4]用修订的微生物比增殖速率来体现温度和余氯浓度对微生物生长的影响, 且通过大量试验得出了修订后的微生物比增殖速率的表达形式。

当 $C_k > C_{k_c}$ 时, 有:

$$\mu = \mu_{max} \left(\frac{S}{S + k_s} \right) \exp \left(- \frac{C_k - C_{k_c}}{C_{k_c}} \right) \exp \left[- \left(\frac{T_{opt} - T}{T_{opt}} \right)^2 \right] \quad (1)$$

当 $C_b < C_{bc}$ 时, 有:

$$\mu = \mu_{max} \left(\frac{S}{S + k_s} \right) \exp \left[- \left(\frac{T_{opt} - T}{T_{opt}} \right)^2 \right] \tag{2}$$

式中 μ, μ_{max} ——分别为微生物的比增殖速率和最大比增殖速率, h^{-1}

k_s ——饱和常数, 当 $\mu = 0.5 \mu_{max}$ 时被称为半速度常数, mg/L

S ——基质浓度, mg/L

C_b ——余氯浓度, mg/L

T_{opt} ——微生物活性的最佳温度, $^{\circ}C$

T ——管网水体的温度, $^{\circ}C$

C_{bc}, C_{bi} ——分别为余氯对微生物抑制作用的临界浓度和特征浓度, mg/L

以上模型都是基于静止水体的, 但管网中的实际流体还有由于水平对流造成的物质迁移和浓度变化, 即需要建立各物质的动态综合模型。笔者在忽略水体扩散影响的前提下, 通过总结以上各模型得出给水管网中细菌生长的综合模型。

主体水中细菌浓度综合动态模型:

$$\frac{\partial X_b}{\partial t} = -U \frac{\partial X_b}{\partial x} + \mu_b X_b + 2k_{dep} X_a U/R - k_d X_b - k_{dep} X_b \tag{3}$$

式中 X_b ——主体水的细菌浓度, mg/L
 X_a ——管壁的细菌浓度, mg/m^2
 μ_b ——经过修订的主体水中微生物的比增殖速率, h^{-1}

k_{dep} ——细菌吸附系数, h^{-1}

k_d ——细菌衰减系数, h^{-1}

U ——管中流速, m/s

k_{det} ——细菌脱落系数, $s/(m \cdot h)$

t ——时间, s

x ——长度, m

管壁细菌浓度综合动态模型为:

$$\frac{\partial X_a}{\partial t} = \mu_a X_a - k_{det} X_a U - k_{dep} X_b R/2 \tag{4}$$

式中 μ_a ——经过修订的管壁微生物的比增殖速率, h^{-1}

R ——管道半径, m

基质的综合动态模型:

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -U \frac{\partial S}{\partial x} - \mu_b X_b /Y - \mu_a X_a /Y \tag{5}$$

式中 Y ——微生物产率

余氯浓度综合动态模型:

$$\frac{\partial C_b}{\partial t} = -U \frac{\partial C_b}{\partial x} - k_b C_b - 2k_w /R \tag{6}$$

式中 k_b ——主体水的余氯衰减系数, h^{-1}

k_w ——管壁的余氯衰减系数, $mg/(m^2 \cdot h^{-1})$

1.2 模型的求解

EPANET 是美国环保总署所开发的一个非商业开源软件, 主要用于有压管网系统的水力计算和水质分析, 但是其只能进行单因子模型分析, 即在水质模拟过程中每次只能模拟一个指标, 这显然是不合理的, 因为实际中的管网必然存在各种各样的交互过程, 管网中微生物的生长模型就是一个生物项和化学项的交互过程, 故采用单因子模型不能全面反映这一复杂的反应过程。

本模型采用 EPANET-MSX 求解, EPANET-MSX 是美国环保总署最近公布出来的一个专门用于水质计算的模块, 目前还没有完成软件界面的表达。EPANET-MSX 是基于 EPANET 开发的, 即由 EPANET 完成管网的水力计算, 然后在水力计算的基础上模拟各水质指标在管网中的动态变化。

2 模型的应用

2.1 管网模型

将建立的微生物动态模型应用于某实际管网 (见图 1), 该管网有一个水源、115 根管道 (DN 100~800), 供水管线总长约为 61 km, 供水量约为 $10 \times 10^4 m^3/d$ 。模拟管道 P1~P5、节点 J1~J5 的水质并进行分析。

模型中各参数的确定见文献 [5]。

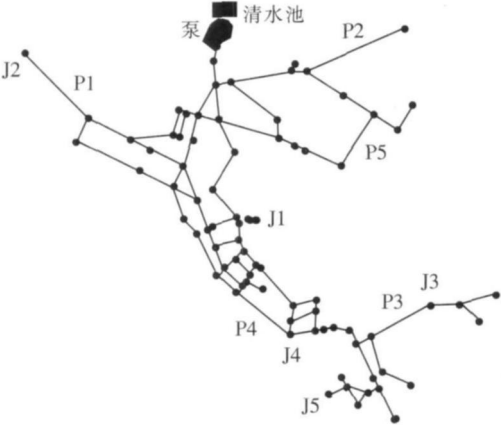


图 1 供水管网

Fig 1 Water distribution system

2.2 计算结果及分析

模型忽略温度在管网中的变化,并将温度设定为 20℃。出厂水的余氯浓度为 1 mg/L、基质浓度为 0.04 mg/L、细菌浓度为 0.01 mg/L。在 VC6.0 中编写代码调用 EPANET-MSX 1b 对管网进行 48 h 的延时模拟,得到各节点和管段的水质数据(受篇幅所限,仅列出 J2、J3、P1、P3 水质数据,见表 1),为保证水质稳定,在模拟 12 h 后再进行水质分析。

表 1 水质动态模拟计算结果

Tab 1 Results of dynamic simulation of water quality

时间 / h	J2水质 / (mg·L ⁻¹)			J3水质 / (mg·L ⁻¹)			P1水质 / (mg·m ⁻²)	P3水质 / (mg·m ⁻²)
	余氯	基质	细菌	余氯	基质	细菌	管壁微生物	管壁微生物
12	0.470 0	0.038 7	0.004 2	0.064 7	0.008 2	0.000 4	0.218 8	0.030 6
14	0.496 6	0.038 7	0.004 6	0.243 1	0.034 7	0.001 6	0.270 2	0.059 5
16	0.479 9	0.038 7	0.004 5	0.220 3	0.034 5	0.001 5	0.319 7	0.085 9
18	0.453 4	0.038 6	0.004 2	0.216 4	0.037 9	0.001 5	0.359 7	0.108 9
20	0.420 3	0.039 2	0.003 8	0.197 0	0.038 3	0.001 4	0.389 5	0.127 5
22	0.395 1	0.039 3	0.003 6	0.192 6	0.038 5	0.001 4	0.410 4	0.142 1
24	0.444 0	0.039 4	0.004 4	0.201 6	0.038 4	0.001 5	0.431 6	0.155 0
26	0.573 4	0.039 7	0.006 0	0.225 4	0.038 4	0.001 9	0.469 6	0.171 1
28	0.601 7	0.039 7	0.006 3	0.242 1	0.038 5	0.002 1	0.522 2	0.194 3
30	0.560 4	0.039 7	0.005 7	0.247 1	0.038 5	0.002 2	0.564 9	0.221 0
32	0.507 9	0.039 6	0.005 0	0.261 8	0.038 6	0.002 3	0.590 4	0.243 0
34	0.468 6	0.039 5	0.004 6	0.272 4	0.038 6	0.002 4	0.604 9	0.260 6
36	0.477 4	0.039 5	0.004 8	0.264 0	0.038 5	0.002 3	0.615 1	0.273 7
38	0.498 7	0.039 5	0.005 1	0.256 1	0.038 5	0.002 2	0.630 0	0.283 6
40	0.489 3	0.039 5	0.004 9	0.234 0	0.038 2	0.002 0	0.644 3	0.291 7
42	0.457 2	0.039 4	0.004 5	0.212 9	0.037 9	0.001 8	0.653 0	0.297 3
44	0.418 4	0.039 2	0.004 0	0.192 7	0.037 6	0.001 6	0.653 8	0.300 1
46	0.401 9	0.039 2	0.003 9	0.190 5	0.037 5	0.001 6	0.648 0	0.299 4
48	0.444 4	0.039 4	0.004 6	0.206 5	0.037 7	0.001 8	0.644 0	0.296 9

由表 1 可知,管网的余氯浓度比较稳定,都超过了对细菌产生抑制作用的浓度值,即能够有效地控制管网中细菌的生长,且基质的消耗量很低,表明管网水具有生物稳定性。J3 比 J2 距离水厂远,其主体水中的细菌与管网中余氯的作用时间、余氯本身的衰减时间以及细菌对基质的利用时间更长,故其主体水的细菌、余氯浓度值和基质浓度值都比较低。P3 管段的管径为 400 mm、流速为 0.3~0.6 m/s。P1

管段的管径为 500 mm、流速为 0.1~0.2 m/s。因为管径和管中水体的流速会直接影响到管壁细菌的脱落速度,故 P3 管段管壁细菌的脱落速度较 P1 的快,故其管壁的细菌浓度比较低。

3 结论

① 基于多水质指标交互的微生物生长模型克服了目前大多数的水质计算都是基于单水质目标的弊端,充分体现了管网中各水质指标的交互过程,能够较全面地反映管网中水质的变化。

② 模型的计算结果能够较全面地反映管网中主体水的细菌浓度、管壁生物膜、基质浓度以及余氯浓度的变化,为改善水质决策提供了依据。

③ 模型输入参数比较多且都需要通过大量的试验获得,故获得准确的模型动力学参数是成功运用该模型模拟管网水质的关键。

④ 由于目前管网中实时监测的数据仅有余氯、浊度等水质指标,还没有对细菌、基质进行监测,故模型的检验难以获得大量的参考数据。

参考文献:

[1] 鲁巍,张晓健. 给水管网细菌生长动力学模型[J]. 中国给水排水, 2006, 22(18): 8-10.

[2] Bois F Y, Fahmy T, Block J C, et al. Dynamic modeling of bacteria in a pilot drinking-water distribution system[J]. Water Res, 1997, 31(12): 3146-3156.

[3] Rossman L A, Boulos P F. Numerical methods for modeling water quality in distribution systems: A comparison[J]. J Water Res Plan Manage, 1996, 122(2): 137-146.

[4] Servais P, Laurent P, Gatel D, et al. Modeling bacterial dynamics in distribution systems[A]. Proceedings AWWA WQTC[C]. San Francisco AWWA, 1994.

[5] Zhang W D, Miller C T, D Giano F A, et al. Bacterial regrowth model for water distribution systems incorporating alternating split operator solution technique[J]. J Environ Eng, 2004, 130(9): 932-941.

电话: (021) 65985869 15921409719
E-mail: zhengfeifei02@163.com
收稿日期: 2009-01-22