

# 微生物污垢的生长模型与受力分析

杨倩鹏<sup>1</sup>, 陈晓东<sup>2</sup>, 田磊<sup>1</sup>, 史琳<sup>1</sup>

(1. 清华大学热能工程系, 热科学与动力工程教育部重点实验室, 北京 100084;  
2. 厦门大学化学化工学院, 化学工程与生物工程系, 厦门 361005)

**摘要:** 换热设备表面形成的微生物污垢严重影响了换热效率和系统安全。为了减少微生物污垢, 需要研究微生物污垢的生长机理和受力特性。该文采用3维细胞自动机模型, 对微生物污垢进行了生长模拟, 并模拟了混合菌种的相互抑制。针对微生物污垢形状多样的特点, 提出了形状因子的概念, 分析了形状因子与受力的关系。该文细胞自动机模型采用了换热设备的代表性菌种——枯草芽孢杆菌和鳗鱼气单胞菌。采用该模型模拟两种菌种的生长机理和相互抑制, 结果发现换热设备抑垢应侧重于枯草芽孢杆菌。该文提出的形状因子能较好量化污垢形状, 有效地描述了3种典型污垢形状。形状因子简化了污垢形状与受力的关联分析, 有助于不同形状污垢的对比。

**关键词:** 能源管理与节能; 微生物污垢; 细胞自动机模型; 形状因子

中图分类号: TK 01+.8 文献标志码: A  
文章编号: 1000-0054(2014)02-0247-06

## Biofouling growth model and force analysis

YANG Qianpeng<sup>1</sup>, CHEN Xiaodong<sup>2</sup>, TIAN Lei<sup>1</sup>, SHI Lin<sup>1</sup>

(1. Key Laboratory for Thermal Science and Power Engineering of Ministry of Education, Department of Thermal Engineering, Tsinghua University, Beijing 100084, China;  
2. Department of Chemical and Biochemical Engineering, College of Chemistry and Chemical Engineering, Xiamen University, Xiamen 361005, China)

**Abstract:** Biofouling on heat exchanger surfaces reduces the heat transfer rate and the system security. Thus, more investigations are needed on biofouling growth mechanisms and the forces acting on the biofouling. This study uses a three dimensional cellular automata model to simulate biofouling growth. Reciprocal inhibition between different bacteria strains is also simulated. A shape factor concept is then used to describe the various biofouling shapes to analyze the forces on the biofouling. The cellular automata model simulates *Bacillus subtilis* and *Aeromonas ichthiosmia* as typical heat exchanger bacteria strains. The model simulates the biofouling growth and reciprocal inhibition to show that the heat exchanger biofouling inhibition should focus on *Bacillus subtilis*. The shape factors for three typical shapes used in this work accurately model

the biofouling shapes. The shape factors simplify the force analyses and are useful for comparing different biofouling shapes.

**Key words:** energy management and saving; biofouling; cellular automata model; shape factor

微生物污垢(biofouling)是指由细菌等微生物及其代谢产物沉积于固体表面并生长、繁殖而形成的生物粘膜<sup>[1]</sup>。换热设备表面形成的微生物污垢严重影响了换热效率<sup>[2]</sup>和系统安全<sup>[3]</sup>。微生物污垢达到稳定期时, 结构呈现空间网状, 其中水的质量分数超过90%, 对换热有严重的阻碍作用<sup>[4]</sup>。为了解决换热器污垢问题, 需要建立仿真模型来分析污垢生长机理, 并深入探讨污垢形状与受力的关联, 从而认识污垢形成规律并进行污垢抑制。

目前微生物污垢仿真模型主要包括两类: 1) 细胞自动机(cellular automata, CA)模型。CA模型以细胞群为研究尺度, 含有各组分动力学方程组和粘附、推挤、剥离模块, 能模拟微生物污垢的全生命周期, 运算量适中; 2) 个体机(individual based model, IBM)模型。IBM模型以单个细胞为研究尺度, 通过细胞的变化方程来模拟微生物污垢形成过程, 运算量较大, 目前处于探索阶段。

CA模型在Eberl<sup>[5]</sup>和Laspidou<sup>[6]</sup>等学者的前期研究基础上, 逐步发展为综合CA模型。目前常见CA模型中, 微生物污垢分为活细胞 $X_a$ 、死细胞 $X_{res}$ 、胞外分泌物(extracellular polymeric substances, EPS)、可溶性分泌物(soluble microbial products, SMP)、基质S 5种组分, 并且模型在2维网格上取得了较好的效果<sup>[7]</sup>。Eberl等<sup>[8]</sup>利用

收稿日期: 2012-04-26

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(50976060);

国家“九七三”重点基础科研项目(2010CB227305)

作者简介: 杨倩鹏(1989—), 男(汉), 陕西, 博士研究生。

通信作者: 史琳, 教授, E-mail: rxnsl@mail. tsinghua. edu. cn

CA 模型,模拟了 2 维流道内微生物污垢的生长,研究了 5 种组分的分布规律。IBM 模型方面, Piciooreanu 等<sup>[9]</sup>和 Habimana 等<sup>[10]</sup>进行了相关探索,并对乳酸球菌与李斯特菌污垢进行了初步模拟。然而,目前污垢模型领域仍然缺乏全生命周期 3 维模型,而且模拟菌种受到局限,换热器中常见的芽孢杆菌属和气单胞菌属均缺少模拟研究。

微生物污垢模拟还需要研究污垢周围的多物理场情况,特别是受力情况,从而对污垢进行全面仿真。在微生物污垢受力模拟方面, Hao 等<sup>[11]</sup>研究了液固两相流对微生物污垢形状的影响,发现流体作用力和表面张力的平衡作用使得微生物污垢形成了“蘑菇形”的结构特点,阐述了污垢的空间结构和流场、剪切力场的机理关系。Rice 等<sup>[12]</sup>研究了单个微生物细胞在物理场耦合条件下,在微生物污垢中的移动、复制、迁徙过程。但是,现有受力模拟中,污垢形状较为多样,暂时没有统一的参数来描述污垢形状。这种现状造成了模拟结果无法相互对比,并且很难分析污垢形状与受力情况之间的关系。

本文针对换热器中枯草芽孢杆菌和鳗鱼气单胞菌形成的混合菌种微生物污垢,建立了 3 维 CA 模型,并讨论了两种菌种的相互促进与抑制关系。本文提出了描述微生物污垢的形状因子,并进行了相关受力模拟,可为简化污垢形状与受力情况的关联分析提供参考。

## 1 微生物污垢生长模型

### 1.1 微生物污垢模型

换热器污垢中常见优势菌属为芽孢杆菌属和气单胞菌属,占据微生物污垢质量分数的 90% 以上,其余约 20 余种微量菌属对微生物污垢形成无明显影响。本文 CA 模型针对两种代表菌种,枯草芽孢杆菌(革兰氏阳性)和鳗鱼气单胞菌(革兰氏阴性),进行了模拟,并计算了相互促进和抑制作用。

本文 CA 模型采用了常用的基质  $S$ 、活细胞  $X_a$ 、死细胞  $X_{res}$ 、EPS 和 SMP 5 大组分划分<sup>[7]</sup>,其中活细胞、死细胞和 EPS 质量之和为微生物污垢总质量  $m$ 。本文 CA 模型针对换热器菌种的特点,在 Matlab 中自行构建了初期粘附、溢出推挤、老化剥离等多个模块。

前期进行的混合菌种机理实验发现,与鳗鱼气单胞菌相比,枯草芽孢杆菌更易在材料表面不可逆粘附。枯草芽孢杆菌利用基质和 SMP 速率较快,但 EPS 产生速率较慢<sup>[13]</sup>。根据枯草芽孢杆菌和鳗

鱼气单胞菌的差异,CA 模型中设定了不同的粘附、生长、剥离、扩散特性参数,如表 1 所示。CA 模型空间范围设定为  $50 \mu\text{m} \times 50 \mu\text{m} \times 30 \mu\text{m}$ ,时间  $t$  长度为 2 d,两种菌种初始数量相等。时间长度设为 2 d 可以去除污垢后期老化剥离的干扰,从而突出混合菌种的相互抑制作用。

表 1 混合菌种模型参数

模型参数	设定值
枯草芽孢杆菌数量	$2.5 \times 10^4$ 个/mL
枯草芽孢杆菌基质系数	0.34
枯草芽孢杆菌 SMP 系数	0.45 <sup>[7]</sup>
枯草芽孢杆菌 EPS 系数	0.18 <sup>[14]</sup>
枯草芽孢杆菌粘附概率	0.10
鳗鱼气单胞菌数量	$2.5 \times 10^4$ 个/mL
鳗鱼气单胞菌基质系数	0.24
鳗鱼气单胞菌 SMP 系数	0.40 <sup>[7]</sup>
鳗鱼气单胞菌 EPS 系数	0.20 <sup>[14]</sup>
鳗鱼气单胞菌粘附概率	0.05

### 1.2 混合菌种相互抑制

微生物污垢不同菌种间关系复杂,同时存在促进和抑制作用。本文 CA 模型主要针对相互抑制作用进行分析。

微生物污垢中混合菌种的相互抑制,按照机理分为 4 种:争夺基质相互抑制;争夺可循环代谢产物相互抑制;释放抑制物质;吞噬或共生。根据枯草芽孢杆菌和鳗鱼气单胞菌的菌种特性,其相互抑制主要为第 1 种和第 3 种<sup>[15]</sup>。

本文 CA 模型中第 1 种抑制作用通过将基质设定为公用物质来实现。对于第 3 种抑制作用,根据目前的认识<sup>[10]</sup>和量化分析<sup>[16]</sup>,设置为抑制物质产生与生长速率成正比关系,即抑制物质  $A_{anti} = \alpha dX_a/dt$ 。随后产生的抑制物质  $A_{anti}$  将降低另外一种微生物消耗基质的速率,导致生长受限,即基质利用速率  $Y_{SA}$  变为  $Y_{SA}' = Y_{SA}/(1 + \beta A_{anti})$ 。式中:系数  $\alpha$  和  $\beta$  设定为 0.001 和 0.020。

### 1.3 模型结果讨论

本文 CA 模型模拟获得的两种菌种 24 h 和 48 h 污垢质量浓度、48 h 抑制物质质量浓度以及 48 h 内质量  $m$  的生长曲线,如图 1 所示。对比图 1 中两菌种在 24 h 和 48 h 的质量浓度分布可以看出,枯草杆菌污垢覆盖更加充分,质量浓度更高。主要原因是枯草杆菌活细胞生长速度较快,在争夺基质和抵御抑制物质两方面相比鳗鱼气单胞菌均有优势。枯草

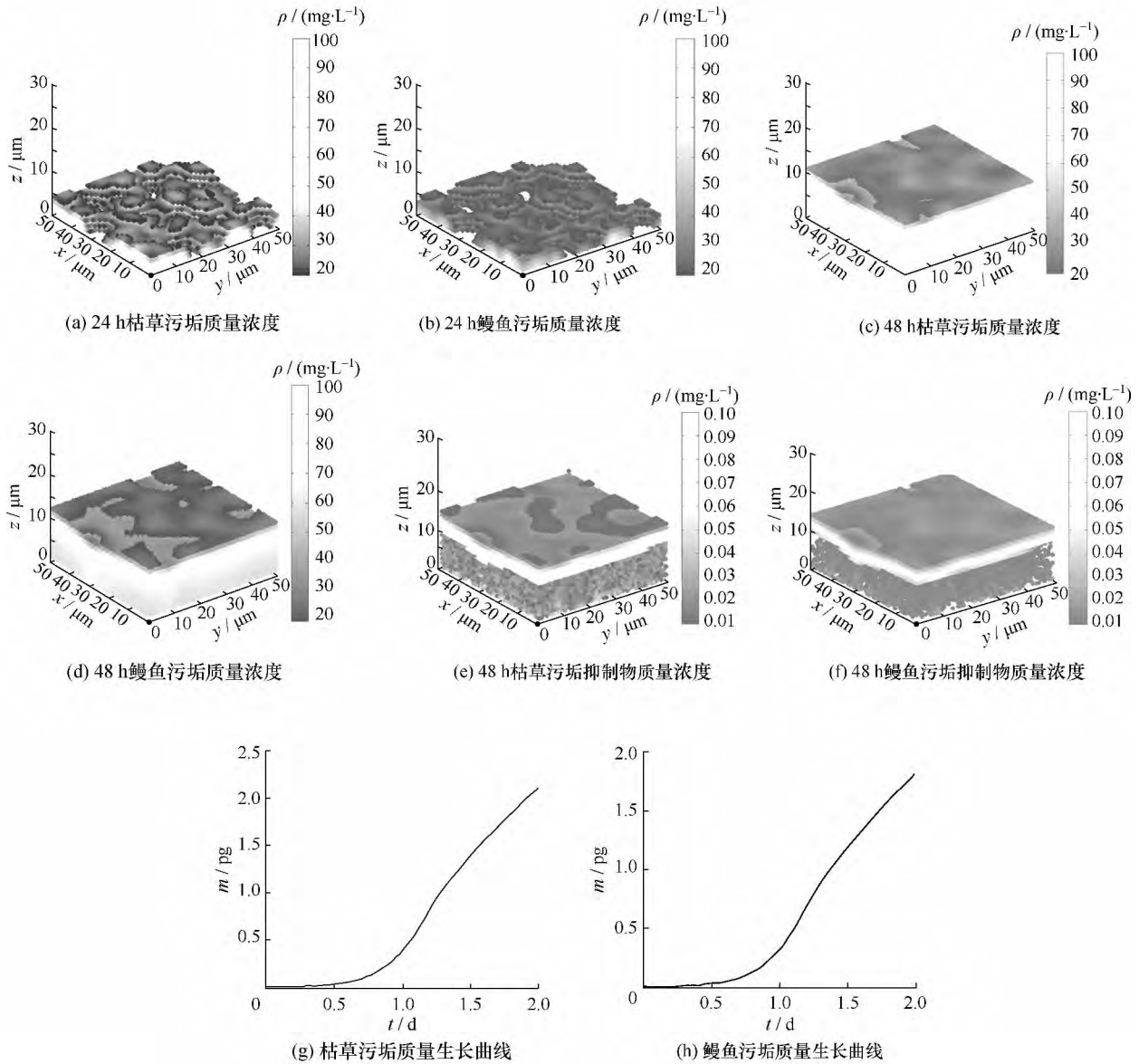


图 1 枯草芽孢杆菌和鳃鱼气单胞菌模拟结果

杆菌污垢优势在模拟过程中表现为 3 点: 1) 枯草杆菌污垢上层活细胞生长较快, 上层质量浓度更高, 更易接近新基质, 从而进一步加速生长, 在争夺基质中获得优势; 2) 鳃鱼气单胞菌 EPS 较多, 影响了其活细胞接触基质, 在争夺基质中处于劣势, 在图 1d 中表现为上层质量浓度不够富集; 3) 枯草杆菌快速生长时, 产生的抑制物质覆盖于鳃鱼气单胞菌上部, 抑制鳃鱼气单胞菌的生长, 在抑制物质效果方面优势明显。此外, 图 1a 和 1b 中两种菌种 24 h 质量浓度分布与空白区域基本重合, 说明存在相互促进作用, 但远弱于相对于抑制作用。

前期机理实验中同样发现枯草芽孢杆菌污垢质量具有优势<sup>[14]</sup>。本课题组对北京地区再生水和相应换热器进行了全年监测<sup>[17]</sup>, 也发现再生水中芽

孢杆菌属和气单胞菌属检出比例约为 15% 和 60%, 而换热器内芽孢杆菌属和气单胞菌属检出比例大致相等并均超过 30%。这种差异说明, 再生水中芽孢杆菌属数量少, 但在换热器中芽孢杆菌的成垢能力较强。

综合模拟、实验和工程情况表明, 枯草芽孢杆菌成垢能力较强, 应作为除垢抑垢研究的重点。

## 2 微生物污垢的受力与形状因子

### 2.1 微生物污垢形状

归纳微生物污垢形状, 需要从微生物污垢个体的生长过程出发, 对不同生长阶段的典型形状进行抽象。污垢生长初期呈现扁平的局部球体形状, 定义为“扁平形”。污垢生长中期, 底部细胞开始死

亡,底部污垢含水量下降,体积收缩,形成中间突出的局部球体形状,定义为“突出形”。污垢生长后期即稳定期,底部细胞进一步死亡,污垢形成典型的“蘑菇形”。稳定期污垢个体容易相连,形成通道、半通道、空穴等结构<sup>[2]</sup>。为了量化分析各个阶段的污垢形状,本文提出了形状参数和形状因子方法。

## 2.2 微生物污垢量化参数与形状因子

首先,提取微生物污垢形状的量化参数,作为基本形状参数。针对微生物污垢形状,主要参数包括直径 $D$ 、高度 $H$ 、截面积 $A$ 、体积 $V$ 等的最大值和最小值如 $D_{\max}$ 等,如图2标注的两种典型形状。相应的关联值,如 $D_{\max}$ 所在位置对应的高度值 $H_{D_{\max}}$ 等,也纳入到形状参数范畴,方便分析计算。

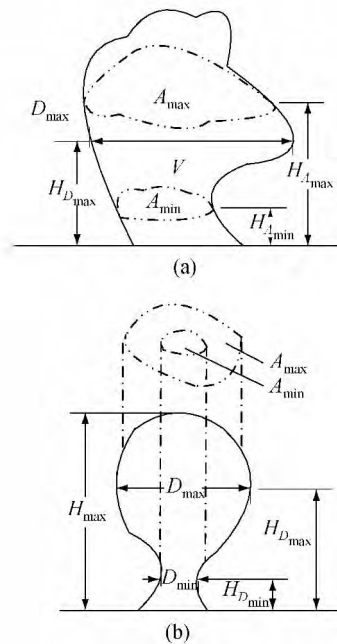


图2 微生物污垢形状参数

在基本形状参数的基础上,针对微生物污垢形状的主要特征,提出相应的形状因子,其中代表性的形状因子如表2所示。通过形状因子的综合描述,可以快速归纳污垢形状,方便对比分析。

表2 微生物污垢典型形状因子

形状因子	表达式	含义
高径比(SFHD)	$H_{\max}/D_{\max}$	相对高度
直径比(SFDD)	$D_{\min}/D_{\max}$	相对均匀性
平均截面积(SFA)	$V/H_{\max}$	综合截面积
直径收缩比(SFDDH)	$(H_{D_{\max}} - H_{D_{\min}})/H_{\max}$	直径变化快慢

## 2.3 微生物污垢受力模拟

对于微生物污垢扁平形、突出形和蘑菇形3种典型形状,在软件Ansys中建立模型,进行多物理

场耦合模拟,模型参数如表3所示。

表3 多物理场模拟参数

模型参数	设定值	来源
流速	1 m/s	换热器流速
污垢密度	900 kg/m <sup>3</sup>	实验测量
污垢导热系数	0.55 W/(m <sup>2</sup> ·K)	实验测量
污垢弹性模量	200 kPa	文[18]
污垢 Poisson 比	0.48	文[18]
污垢屈服强度	10 kPa	文[18]
污垢拉断强度	12 kPa	文[18]
模拟尺度	500 μm	—
最小网格尺度	1 μm	—
边界条件	恒壁温	—

对3种代表性形状(球体直径均为无量纲数值1)进行模拟,流场、温度场、剪切力场、应力场结果分别如图3所示。

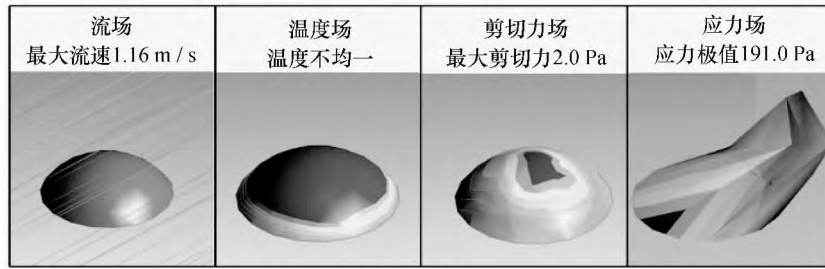
随着污垢体积增大,对周围流场影响增加,流线逐步弯曲,最大速度逐步增大。温度场方面,扁平形污垢存在等温线,说明热量均匀地通过污垢传递。而对于突出形污垢和蘑菇形污垢,污垢温度基本均一,即热量基本不通过污垢传递,也说明了污垢热阻的存在。

剪切力场方面,蘑菇形污垢剪切力分布均匀,相比突出形污垢有所减小,说明蘑菇形有助于减弱流体的剪切作用。另外,扁平形、突出形和蘑菇形的污垢应力极值显著增大,说明污垢到达生长后期的蘑菇形时,剥离的可能性显著增加。生长后期的蘑菇形污垢底部死细胞较多,机械强度较差,更容易从底部发生整体剥离。

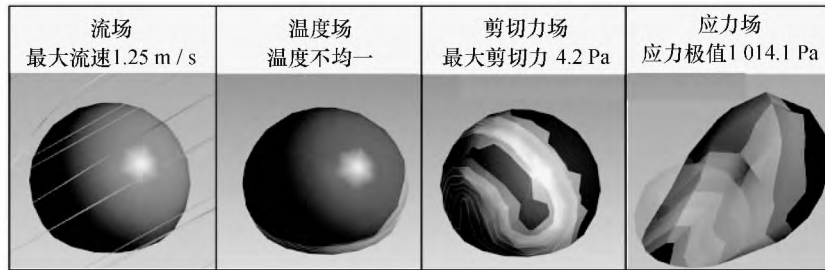
## 2.4 形状因子与受力关系

为验证形状参数和形状因子与受力情况之间是否具有较好的量化关系,在此采用直径为无量纲数值1的球体的一部分模拟扁平形和突出形污垢。扁平形小于半球体,而突出形大于半球体。对比扁平形和突出形时,形状参数中高度 $H$ 具有区分性,而形状因子中高径比SFHD也具有区分性。污垢在无量纲高度 $H=1$ 或者无量纲高径比SFHD=0.5时为半球体, $H<1$ 或SFHD<0.5时为扁平形, $H>1$ 或SFHD>0.5时为突出形。

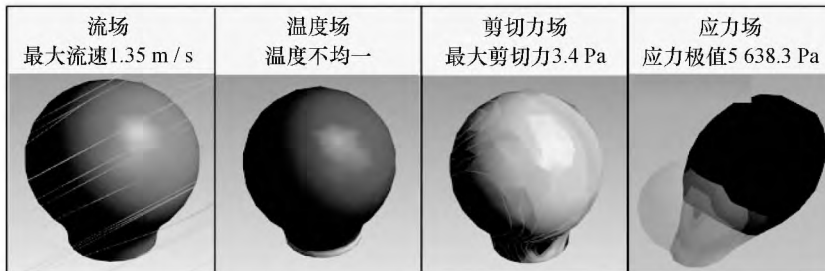
$H$ 和SFHD与受力情况的关系如图4所示。可以看出,高度 $H$ 和SFHD作为横坐标时,描述的受力规律基本一致。图4说明SFHD可以较好地替代高度 $H$ ,成为综合意义上的高度,这对于统一对比分析形状多样、大小各异的污垢有重要意义。此外,对于扁平形污垢,SFHD作为横坐标时能更好地描述受力随SFHD缓慢抛物线上升的规律。



(a) 扁平形污垢

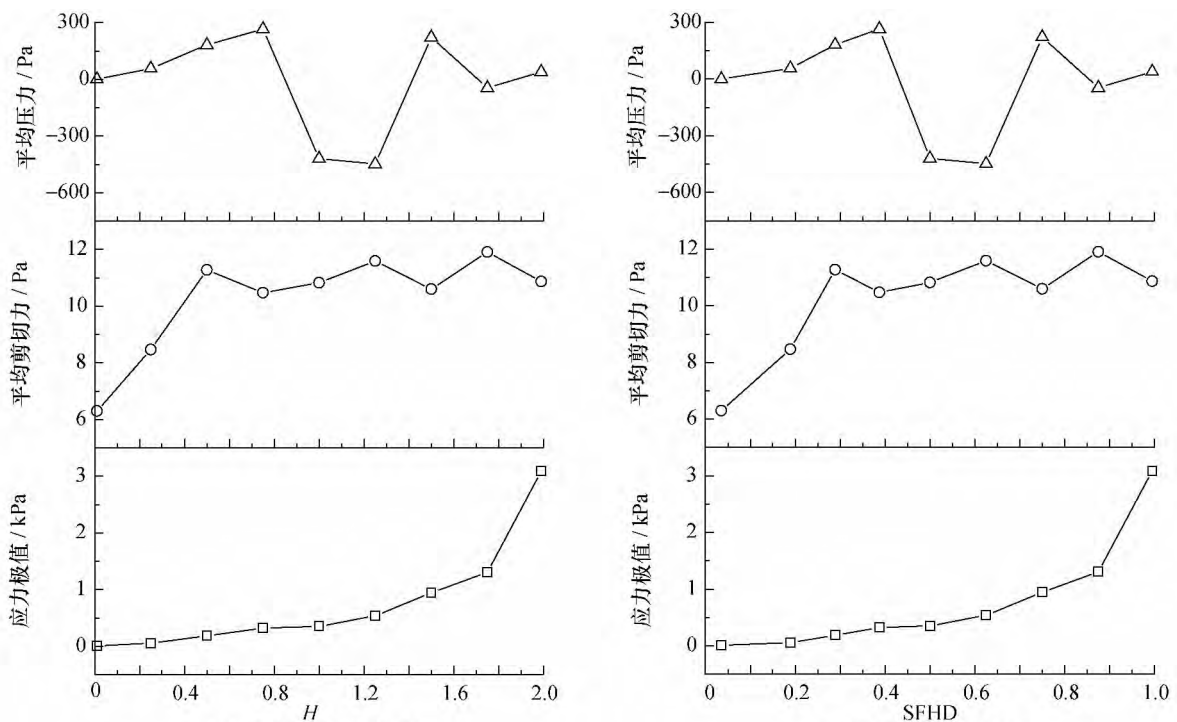


(b) 突出形污垢



(c) 蘑菇形污垢

图3 污垢周围多物理场分布



(a) 采用形状参数高度 $H$

(b) 采用形状因子SFHD

图4 污垢形状描述方法及其与压力、剪切力和应力极值的关联

### 3 结 论

本文针对换热器两种混合菌种的特点,建立了微生物污垢3维CA模型。本文为归纳和量化污垢形状,提出了形状因子概念,并讨论了形状因子和受力的关系。本文主要结论如下:

1) CA模型较好地模拟了混合菌种微生物污垢的生长过程和相互抑制作用。

2) CA模型对比分析了枯草芽孢杆菌和鳗鱼气单胞菌的成垢特点。本文说明了枯草芽孢杆菌成垢能力较强的现象和原因,指出换热器除垢抑垢研究应侧重于枯草芽孢杆菌。

3) 微生物污垢形状可以采用本文提出的形状因子较好地量化描述。形状因子有助于归纳污垢形状,简化形状与受力的关系分析。

#### 参考文献 (References)

- [1] TIAN Lei, CHEN Xiaodong, YANG Qianpeng, et al. Effect of silica dioxide particles on the evolution of biofouling by *Bacillus subtilis* in plate heat exchangers relevant to a heat pump system used with treated sewage [J]. *Chemical Engineering Journal*, 2012, **188**: 47-56.
- [2] TIAN Lei, CHEN Xiaodong, YANG Qianpeng, et al. Effect of calcium ions on the evolution of biofouling by *Bacillus subtilis* in plate heat exchangers simulating the heat pump system used with treated sewage in the 2008 Olympic Village [J]. *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces*, 2012, **94**: 309-316.
- [3] 史琳, 管成, 杨文言. 城镇二级出水换热表面混合污垢的成分及形貌 [J]. *清华大学学报: 自然科学版*, 2009, **49**(2): 236-239.
- SHI Lin, ZAN Cheng, YANG Wenyan. Composition and morphology of composite fouling by municipal secondary effluent on heat transfer surfaces [J]. *J Tsinghua Univ: Sci and Tech*, 2009, **49**(2): 236-239. (in Chinese)
- [4] TIAN Lei, CHEN Xiaodong, YANG Qianpeng, et al. Interaction effects of silica dioxide particles and calcium ions on the evolution of biofouling in plate heat exchangers relevant to a heat pump heat recovery system from treated sewage [J]. *International Journal of Materials and Product Technology*, 2012, **44**(1/2): 67-76.
- [5] Eberl H J, Parker D F, Vanloosdrecht M C. A new deterministic spatiotemporal continuum model for biofilm development [J]. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2001, **3**(3): 161-175.
- [6] Laspidou C S, Rittmann B E. A unified theory for extracellular polymeric substances, soluble microbial products, and active and inert biomass [J]. *Water Research*, 2002, **36**: 2711-2720.
- [7] Laspidou C S, Rittmann B E. Non-steady state modeling of extracellular polymeric substances, soluble microbial products, and active and inert biomass [J]. *Water Research*, 2002, **36**: 1983-1992.
- [8] Eberl H J, Khassekhkhan H, Demaret L. A mixed-culture model of a probiotic biofilm control system [J]. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2010, **11**(2): 99-118.
- [9] Picioreanu C, Kreft J U, Van Loosdrecht M C. Particle-based multidimensional multispecies biofilm model [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, **70**(5): 3024-3040.
- [10] Habimana O, Guillier L, Kulakauskas S, et al. Spatial competition with *Lactococcus lactis* in mixed-species continuous-flow biofilms inhibits *Listeria monocytogenes* growth [J]. *Biofouling*, 2011, **27** (9): 1065-1072.
- [11] Hao S, Moran B, Chopp D. Biofilm growth: Perspectives on two-phase mixture flow and fingerings formation [C]// IUTAM Symposium on Mechanics and Reliability of Actuating Materials. New York, NJ: Springer Press, 2006: 273-290.
- [12] Rice A R, Hamilton M A, Camper A K. Movement, replication, and emigration rates of individual bacteria in a biofilm [J]. *Microbial Ecology*, 2003, **45**: 163-172.
- [13] 杨倩鹏, 陈晓东, 田磊, 等. 不同营养下混合菌种微生物污垢生长机理与交互作用 [J]. *化工学报*, 2013, **64**(3): 1036-1041.
- YANG Qianpeng, CHEN Xiaodong, TIAN Lei, et al. Growth and interaction mechanism of multi-strain biofouling under different nutrient levels [J]. *CIESC Journal*, 2013, **64**(3): 1036-1041. (in Chinese)
- [14] Ivleva N P, Wagner M, Horn H, et al. Towards a nondestructive chemical characterization of biofilm matrix by Raman microscopy [J]. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 2009, **393**: 197-206.
- [15] YANG Qianpeng, Wilson D I, CHEN Xiaodong, et al. Experimental investigation of interactions between the temperature field and biofouling in a synthetic treated sewage stream [J]. *Biofouling*, 2013, **29**(5): 513-523.
- [16] Dobretsov S, Teplitski M, Paul V. Mini-review: Quorum sensing in the marine environment and its relationship to biofouling [J]. *Biofouling*, 2009, **25**(5): 413-427.
- [17] TIAN Lei, YANG Qianpeng, LI Minzhi, et al. Reuse of thermal energy in municipal reclaimed water: Assessment for transmission distance [J]. *Applied Mechanics and Materials*, 2012, **148/149**: 883-886.
- [18] Abe Y, Polyakov P, Skali-Lami S, et al. Elasticity and physicochemical properties during drinking water biofilm formation [J]. *Biofouling*, 2011, **27**(7): 739-750.