

城镇水系统研究与应用

张晓东. 某校园屋面雨水条件致病菌污染与风险评估[J]. 净水技术, 2026, 45(5): 123-136.

Zhang X D. Pollution and risk assessment of opportunistic pathogens in a campus's roof rainwater[J]. Water Purification Technology, 2026, 45(5): 123-136.

某校园屋面雨水条件致病菌污染与风险评估

张晓东*

(上海城投水务生态环保科技有限公司, 上海 200082)

摘要 【目的】针对屋面雨水利用中的微生物安全风险, 本文系统探究条件致病菌(OPs)在屋面径流雨水的赋存规律、季节动态、微生物关联及使用风险, 同时分析微生物群落特征, 为海绵城市雨水安全利用提供科学依据。【方法】以上海市4栋典型校园建筑屋面径流雨水为研究对象, 采用实时荧光定量PCR(qPCR)技术开展5次事件采样(20份样本)与9个月长期监测(28份样本), 测定9种目标微生物浓度; 结合高通量测序解析3月—7月雨水微生物群落结构, 通过定量微生物风险评估(QMRA)量化大肠杆菌(通过饮水)与铜绿假单胞菌(通过吸入)的暴露风险, 运用统计学方法分析微生物检出特征、季节规律及相关性。【结果】屋面雨水普遍存在微生物污染; 铜绿假单胞菌检出率为100%, 军团菌属、哈氏虫属检出率分别达89%和86%, 大肠杆菌检出率为71%; 微生物污染呈温度驱动的季节动态, 4月—7月平均总生物量(2.4×10^7 copies/mL)较11月—次年3月冷季高2个数量级, 军团菌属浓度波动达4个数量级; 微生物间存在特定关联, 军团菌属与哈氏虫属呈强正相关[相关系数(r) = 0.54, 概率值(P) < 0.05], 大肠杆菌与铜绿假单胞菌无显著相关性(r = 0.05); 高通量测序识别出453个物种, 5月微生物群落多样性最高(Shannon指数峰值); QMRA结果显示, 直接饮水时大肠杆菌单日感染风险达0.139, 淋浴、洗车场景铜绿假单胞菌单次感染风险分别为 4.9×10^{-5} 、 4.99×10^{-4} , 均显著高于美国国家环境保护局(US EPA)日可接受标准(2.74×10^{-7})。【结论】本文明确了屋面径流雨水OPs的普遍污染特征、温度驱动的季节规律及微生物共生关联, 揭示传统指示菌(大肠杆菌)的局限性与不同使用场景的风险差异。同时, 发现微生物群落中功能性菌属(如具备污染物降解能力的微小杆菌属、鞘氨醇单胞菌属)为雨水储存过程的水质自净提供潜在可能, 为风险管控提供生态视角支撑。最终, 提出“源头减污、高温季储存管控、多指标监测”的风险管控方向, 为屋面雨水微生物风险防控及海绵城市雨水资源化利用提供关键技术支撑。

关键词 屋面雨水 条件致病菌 荧光定量PCR技术 微生物群落 定量微生物风险评估

中图分类号: TU992 文献标志码: A 文章编号: 1009-0177(2026)05-0123-14

DOI: 10.15890/j.cnki.jsjs.2026.05.016

Pollution and Risk Assessment of Opportunistic Pathogens in a Campus's Roof Rainwater

Zhang Xiaodong*

(Shanghai Chengtuo Water Ecological and Environmental Protection Technology Co., Ltd., Shanghai 200082, China)

Abstract [Objective] Aiming at the microbial safety risks in roof rainwater utilization, this paper systematically explores the occurrence patterns, seasonal dynamics, microbial correlations, and usage risks of opportunistic pathogens (OPs) in roof runoff rainwater, while analyzing the characteristics of microbial communities, so as to provide a scientific basis for the safe utilization of rainwater in sponge cities. [Methods] Taking roof runoff rainwater from 4 typical campuses buildings in Shanghai City as the research object, quantitative real-time PCR (qPCR) technology was used to conduct 5 events-based samplings (20 samples) and 9 months long-term monitoring (28 samples) to determine the concentrations of 9 target microorganisms. High-throughput sequencing was combined to analyze the microflora structure of rainwater from March to July. Quantitative microbial risk assessment (QMRA) was used to quantify the exposure risks of *Escherichia coli* (via drinking) and *Pseudomonas aeruginosa* (via inhalation). Statistical methods were

[收稿日期] 2025-08-18

[基金项目] 国家自然科学基金(51878468, 51508397); 国家重点研发计划(2017YFC0403400)

[通信作者] 张晓东(1993—), 男, 工程师, 主要从事原制供排污领域的项目管理等工作, E-mail: xiaodongzhang1993@126.com.

applied to analyze the detection characteristics, seasonal patterns, and correlations of microorganisms. [**Results**] Microbial contamination was widespread in roof rainwater: the detection rate of *Pseudomonas aeruginosa* was 100%, the detection rates of *Legionella* spp. and *Vermamoeba vermiformis* reached 89% and 86%, respectively, and the detection rate of *Escherichia coli* was 71%. Microbial contamination showed temperature-driven seasonal dynamics, the average total biomass from April to July (2.4×10^7 copies/mL) was two orders of magnitude higher than that in the cold season (from November to March of the following year), and the concentration of *Legionella* spp. fluctuated by four orders of magnitude. Specific correlations existed among microorganisms; *Legionella* spp. had a strong positive correlation with *Vermamoeba vermiformis* [correlation coefficient (r) = 0.54, probability value (P) < 0.05], while there was no significant correlation between *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa* ($r = 0.05$). High-throughput sequencing identified 453 species, with the highest microflora diversity in May (peak Shannon index). QMRA results showed that the daily infection risk of *Escherichia coli* via direct drinking was 0.139, and the single infection risks of *Pseudomonas aeruginosa* in showering and car washing scenarios were 4.9×10^{-5} and 4.99×10^{-4} , respectively, all significantly higher than the United States Environmental Protection Agency (US EPA) daily acceptable risk standard (2.74×10^{-7}). [**Conclusion**] This paper clarifies the widespread contamination characteristics of OPs in roof runoff rainwater, temperature-driven seasonal patterns, and microbial symbiotic correlations, and reveals the limitations of traditional indicator bacteria (*Escherichia coli*) and risk differences among different usage scenarios. Meanwhile, it is found that functional bacterial genera in the microbial community (such as *Exiguobacterium* with nitrate reduction and organic pollutant degradation capabilities, and *Sphingomonas* capable of metabolizing aromatic compounds) provide potential possibilities for water self-purification during rainwater storage, offering an ecological perspective for risk management. Finally, it proposes a risk management direction of "source pollution reduction, storage control in high-temperature seasons, and multi-index monitoring", which provides key technical support for the prevention and control of microbial risks in roof rainwater and the resource utilization of rainwater in sponge cities.

Keywords roof rainwater opportunistic pathogens(OPs) quantitative real-time PCR(qPCR) technology microflora quantitative microbial risk assessment(QMRA)

随着全球节水意识的提升、城市暴雨径流问题的加剧以及环境友好型建筑的发展,雨水作为一种重要的淡水资源受到了广泛关注。屋面雨水因其收集较容易、清洁度较高的特点,已在澳大利亚、美国、荷兰、南非、德国和日本等国被用作饮用水和非饮用水的用途^[1]。我国属于水资源短缺国家,人均水资源量仅为世界平均水平的1/4($2\ 039.2\ \text{m}^3$),城镇化进程更使得城市用水问题突出。自2013年习总书记提出“加强海绵城市建设”以来,2015年,《国务院办公厅关于推进海绵城市建设的指导意见》出台,雨水资源化利用作为实现“蓄、净、用”功能的关键环节,其重要性日益凸显。屋面雨水利用能有效减轻市政管网压力并为缺水地区提供补充水源、缓解城市洪涝^[2]。

尽管屋面雨水相对清洁,其微生物污染问题,尤其是条件致病菌(OPs)的存在,严重制约了其安全以及广泛利用性^[1,3-4]。屋面雨水在收集、储存及输配过程中易受微生物污染,已有超过20类病原体在雨水系统中检出^[1]。国际研究^[1]证实,军团菌属(*Legionella* spp.)、非结核性分枝杆菌、铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)、棘阿米巴原虫

(*Acanthamoeba* spp.)及哈氏虫属(*Vermamoeba vermiformis*)等OPs在雨水利用系统中广泛存在。这类病原体主要在以下几个方面区别于粪源致病菌。(1)滋生环境:在人工水体环境(如储罐、管道)中极易滋生与增殖^[5],雨水在储存过程中滞留,为OPs提供了理想的生长温床;(2)传播途径:主要通过气溶胶吸入(如绿化喷洒、淋浴)或直接接触感染,而非消化道途径^[5-6],这意味着当雨水被用于洗车、洗衣、冲厕、景观灌溉,甚至烹饪及饮用^[7]等多种用途时,使用者均面临潜在的OPs暴露风险,并已有介屋面雨水暴发军团病案例^[8];(3)易感人群:对免疫系统受损人群危害尤为严重^[5]。例如,含军团菌属、非结核性分枝杆菌的气溶胶可导致严重肺炎^[9-10],棘阿米巴原虫可引发致盲性角膜炎和脑炎^[11],铜绿假单胞菌可致免疫缺陷者全身性感染^[12]。

当前针对屋面雨水微生物的研究中,微生物群落整体特征的认知仍需补充。传统克隆方法基因覆盖率较低,而高通量测序技术显示,屋面径流雨水微生物多样性[含 β -变形菌门(Betaproteobacteria)、 α -变形菌门(Alphaproteobacteria)等类群]显著高于

储罐雨水^[13];且雨水微生物群落中既存在变形菌门、厚壁菌门等优势类群,也包含军团菌属、假单胞菌属等致病菌^[14],同时还能检出致病性真菌(如隐球菌属)^[15]。这些群落信息不仅可反映屋面雨水微生物整体水平,还能为潜在病原体筛选提供支撑,后续结合分子生物学方法,可更全面地评估雨水微生物安全。

在健康风险评估层面,现有研究仍有深化空间。人们潜意识中认为屋面收集雨水可饮用,但诸多研究^[1]证实屋面收集雨水中存在弯曲杆菌属、沙门氏菌、嗜肺军团菌等多种致病菌。然而,致病菌浓度数据无法直观反映雨水利用的健康风险,需通过定量微生物风险评估(QMRA)整合病原体发生、感染性及暴露途径信息,量化人类暴露风险。已有研究将QMRA用于雨水风险评估,如Hamilton等^[16]评估澳大利亚屋面雨水用途风险,发现饮用、淋浴等场景风险较高;Johnston等^[17]评估使用屋面雨水进行洗车时的感染风险,对于专业洗车和家庭洗车2种形式,肠道病原体的感染风险分别为 $1 \times 10^{-1.4}$ DALYs/(人·a)(DALY指伤残调整生命年,是用于量化人群健康寿命损失的评价指标)和 $1 \times 10^{-2.4}$ DALYs/(人·a),远高于世界卫生组织(WHO)的标准 $[1 \times 10^{-6}$ DALYs/(人·a)]。John等^[18]评估尼日利亚屋面雨水大肠杆菌感染风险,显示饮用雨水风险远超WHO的标准。但当前针对屋面径流雨水本身的QMRA研究仍较有限,难以充分支撑屋面雨水源头利用的安全评估。

虽然国内外调查表明,OPs在雨水系统中普遍存在,但目前对其在屋面雨水系统中的具体存在模式(如赋存特征、动态变化)认知仍较为肤浅。识别雨水利用系统中OPs的污染特征,确保其微生物安全性,是实现屋面雨水有效综合利用的重要前提。因此,本文聚焦于探索OPs在屋面雨水系统中的存在规律,同步开展微生物群落结构分析与屋面径流雨水QMRA评估,研究成果对于通过优化系统设计和运行管理以降低OPs暴露风险至关重要。

1 试验材料与方法

1.1 研究区域与采样设计

上海市位于我国东部沿海地区,属于亚热带季风气候,雨水充沛,年降水量为1 200 mm左右,存在

汛期、非汛期交替,为屋面径流雨水的水质调查提供了非常有利的条件。

本文选上海市某校园内的4栋典型建筑作为研究对象(建筑信息如表1所示)。研究包括2个部分采样:(1)5次事件径流采样,在5次独立降雨事件中,于降雨开始后20 min(规避初期冲刷效应),在每栋建筑的落雨管处收集屋面径流雨水样本(每次每栋1 L),共获得20个样本,用于验证目标微生物的普遍存在;(2)长期水质监测,选取4号建筑[单层,彩钢瓦屋顶,周围有树木,不锈钢排水沟,配有沟筛网,聚氯乙烯(PVC)材质落雨管]为代表,设置初期雨水弃流装置后,在9个月(11月—次年7月)共采集28次后期径流雨水样本(1 L/次),用于分析季节变化规律。

表1 目标建筑及建筑屋顶信息
Tab. 1 Informations of Target Buildings and Building Roofs

建筑编号	楼层数	屋顶材料	建筑年限/a
1	5	沥青	15~20
2	5	混凝土	15~20
3	6	钢制屋顶	25~30
4	1	彩钢瓦	5~10

1.2 样品采集、处理与保存

(1)采集:密切关注气象报告,降雨开始20 min后于目标建筑落雨管处,使用预先高温灭菌取样瓶收集水样,水量为1 L。

(2)预处理:采集后样本立即进行微生物富集处理或暂存于4℃冰箱,并在24 h内完成处理。

(3)微生物富集:取150 mL水样,经无菌0.22 μm孔径混合纤维素酯滤膜(美国密理博公司)过滤,截留微生物。

(4)保存:无菌环境下将截留有微生物的滤膜转移至无菌2 mL裂解管(美国俄亥俄州索伦市MP生物医药公司)中,保存于-80℃超低温冰箱直至脱氧核糖核酸(DNA)提取。

1.3 微生物指标分析

1.3.1 目标微生物定量检测

本文使用DNA提取试剂盒(FastDNA spit kit)对上述截留至滤膜的微生物进行DNA提取,后将DNA样品转移至无菌冷冻管中,保存在-80℃超低温冰箱中。采用分子生物学方法实时荧光定量PCR(qPCR)对提取的DNA样品进行目标基因的测定,以评估微生物污染。

本文采用 TaqMan 探针法与 SYBR Green 染料法对 9 种目标微生物基因进行定量分析,包括总菌、粪便指示菌及 OPs (表 2)。最终结果以 copies/mL 表示。反应体系如表 3 所示。

表 2 目标微生物

Tab. 2 Target Microorganism

微生物类别	名称	方法
总菌	16S 核糖体核糖核酸 (16S rRNA) 基因	SYBR Green 染料法
粪便指示菌	大肠杆菌	Taqman 探针法
OPs	铜绿假单胞菌	Taqman 探针法
	军团菌属	Taqman 探针法
	嗜肺军团菌	Taqman 探针法
	分枝杆菌属	Taqman 探针法
	棘阿米巴虫属	Taqman 探针法
	鸟分枝杆菌	SYBR Green 染料法
	哈氏虫属	SYBR Green 染料法

各目标微生物的特异性引物、探针序列 (如有)、退火温度及循环程序如表 4 所示^[19]。所有反应均设置阴性对照 (无模板) 与阳性对照 (已知浓度标准品)。

表 4 qPCR 引物、探针及反应条件

Tab. 4 qPCR Primers, Probes, and Assay Conditions

目标微生物	目标基因	序列 (5'—3')	程序		片段长度/bp					
			初始变性和酶活化	变性、退火、延伸						
军团菌属	23S rRNA	前引物: CCCATGAAGCCCGTTGAA 后引物: ACAATCAGCCAATTAGTACGAGTTAGC 探针: FAM-TCCACACCTCGCCTATCAAGCTCGTAGT	95 °C, 2 min	40 个循环: 95 °C 变性 5 s, 58.5 °C 退火/延伸 10 s	92					
		嗜肺军团菌				<i>mip</i>	前引物: AAAGGCATGCAAGACGCTATG 后引物: GAAACTGTGTTAAGAAGCTCTTTTCATTTG 探针: FAM-TGGCGCTCAATTGGCTTTAACCGA	95 °C, 2 min	40 个循环: 95 °C 变性 5 s, 60 °C 退火/延伸 10 s	78
							分枝杆菌属			
鸟分枝杆菌	16S rRNA	前引物: AGAGTTTGATCCTGGCTCAG 后引物: ACCAGAAGACATGCGTCTTG	98 °C, 2 min	40 个循环: 98 °C 变性 5 s, 68 °C 退火/延伸 18 s	180					
		哈氏虫属				18S rRNA	前引物: TTACGAGGTCAGGACTGT 后引物: GACCATCCGGAGTTCTCG	98 °C, 2 min	40 个循环: 98 °C 变性 5 s, 72 °C 退火/延伸 18 s	502
棘阿米巴虫	18S rRNA		前引物: CGACCAGCGATTAGGAGACG 后引物: CCGACGCCAAGGACGAC 探针: FAM-TGAATACAAAACACCACCATCGGCCG	95 °C, 2 min	40 个循环: 95 °C 变性 5 s, 60 °C 退火/延伸 10 s		66			
		铜绿假单胞菌	<i>ecfX</i>			前引物: CGCATGCCTATCAGGCCGT 后引物: GAACTGCCAGGTGCTTGC 探针: FAM-ATGGCGAGTTGCTGCGCTTCCT		95 °C, 2 min	50 个循环: 95 °C 变性 5 s, 60 °C 退火/延伸 10 s	63
大肠杆菌	23S rRNA			前引物: GGTAGAGCACTGTTTTGGCA 后引物: TGTCTCCCGTGATAACTTTCTC 探针: FAM-TCATCCCGACTTACCAACCCGTAMRA	95 °C, 10 min	40 个循环: 95 °C 变性 5 s, 60 °C 退火/延伸 60 s	135			
		总菌	16S rRNA	前引物: CGGTGAATACGTTTCYCGG 后引物: GGWTACCTTGTTACGACTT				98 °C, 2 min	40 个循环: 98 °C 变性 5 s, 55 °C 退火/延伸 5 s	124

表 3 qPCR 反应体系构成

Tab. 3 Compositions of PCR Reaction System

项目	探针法体积/μL	染料法体积/μL
无菌水	2.05	2.40
前引物 (浓度为 10 μmol/L)	0.80	0.80
后引物 (浓度为 10 μmol/L)	0.80	0.80
探针 (浓度为 5 μmol/L)	0.35	—
qPCR 试剂	5.00	5.00
DNA 模板	1.00	1.00
总计	10.00	10.00

1.3.2 微生物群落分析

本文对 3 月—7 月的部分微生物样品 16S rRNA 基因进行高通量测序,以解析屋面径流雨水微生物群落结构特征。首先,针对 16S rRNA 基因的 V3—V4 高变区进行扩增,所用引物为前引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 与后引物 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'), PCR 反应条件设定为: (1) 95 °C 热变性 3 min; (2) 95 °C 热变性 30 s, 55 °C 引物退火 30 s, 72 °C 延伸 45 s, 共 27 个循环; (3) 72 °C 延伸 10 min 结束反应。采用 2% 琼脂

糖凝胶对 PCR 产物进行质量检验, 随后使用 AxyPrep DNA 凝胶提取试剂盒 (Axygen Biosciences, CA, 美国) 纯化目标产物, 依据 QuantiFluor™-ST 微型荧光计 (Promega, 美国) 操作规程对纯化后的 PCR 产物进行定量, 将各样本等量纯化 PCR 产物混合后, 在 Illumina Miseq 平台开展配对末端测序 (2 bp×300 bp), 相关 DNA 原始序列已上传至欧洲核苷酸档案馆 (ENA), 登记号为 PRJEB32935。

获得原始序列后, 使用 Trimmomatic 软件进行多路解编与质量过滤^[20], 借助 Flash 软件完成序列拼接, 具体处理标准如下: (1) 设置 50 bp 窗口, 若窗口内平均质量值低于 20, 则从窗口起始位置截去后端碱基, 剔除质控后长度不足 50 bp 的序列; (2) 标签序列 (barcode) 需精确匹配, 引物允许 2 个碱基错配, 同时去除含模糊碱基的序列; (3) 依据重叠碱基 (overlap) 进行两端序列拼接, 要求 overlap 长度大于 10 bp, 舍弃无法拼接的序列。采用 UPARSE 软件 (version 7.1) 按照 97% 相似度对序列进行操作分类单元 (OTU) 聚类^[21], 通过 UCHIME 软件剔除嵌合体序列。利用 RDP classifier 对每条序列进行物种分类注释^[22], 比对 Silva 数据库 (SSU123), 设定比对阈值为 70%。为确保群落分析时各样本处于相同分析水平, 将所有样本序列抽平至 34 012 个。使用 Mothur v. 1.30.1 计算 Shannon 指数, 以反映微生物群落的丰度与多样性。

1.4 统计学分析

数据统计分析使用 R 3.4.1 进行, 显著性水平设置为 0.05。计算斯皮尔曼 (Spearman) 等级相关系数用于评估不同微生物指标之间的相关性。为了进行科学的统计分析, 低于定量限 (LOQ) 的数据用 LOQ 一半代替^[23]。

1.5 QMRA

QMRA 方法整合了有关病原体的发生、感染性和暴露途径的信息, 运用风险评估的原理来定量估计人类在不同情况下暴露于致病性微生物的健康风险^[24]。本文采用该方法对屋面径流雨水的潜在风险进行定量评估。

1.5.1 危害鉴定

通过分析屋面收集雨水及储存雨水中微生物的发生模式, 并结合流行病学特征的文献调研, 筛选 QMRA 的目标微生物: 大肠杆菌作为寄生于人类和

其他恒温动物胃肠道的常见细菌, 至少存在肠毒素性大肠杆菌 (ETEC)、肠出血性大肠杆菌 (EHEC-O157:H7) 等 4 种致病菌株, 可引起人和多种动物胃肠道感染或局部组织器官感染, 且水中致病性大肠杆菌占总大肠杆菌的 2%~8%^[24-25], 因缺乏针对所有大肠杆菌的剂量效应模型, 故采用肠出血性大肠杆菌代表菌株 O157:H7 的剂量反应模型作为致病性大肠杆菌的评估模型, 将其纳入 QMRA 体系; 铜绿假单胞菌作为典型条件致病菌, 对免疫功能低下人群构成重大威胁, 可导致社区和医院感染, 包括毛囊炎、角膜炎等多种病症, 且在前期雨水样本中检出率达 100%, 因此将其列为 QMRA 的指示致病菌并纳入评估体系。同时, 鉴于军团菌属虽为 OPs, 但本文在屋面收集雨水及储存雨水中均未检出嗜肺军团菌 (最常见致病性军团菌), 且无针对军团菌属的 QMRA 模型; 分枝杆菌属仅在 7 月屋面径流雨水中有检出, 且无法确定致病性分枝杆菌的比例, 难以开展剂量效应评估; 哈氏虫属本身非病原体仅为条件致病菌宿主, 故不将上述微生物纳入雨水 QMRA 的评价体系。

1.5.2 暴露评估

结合我国屋面雨水实际用途与目标致病菌暴露特征, 确定摄食、吸入 2 类暴露途径, 基于微生物浓度与暴露参数计算暴露剂量 (单位为个)。

(1) 目标微生物浓度转化: 由 qPCR 检测的目的基因浓度转化为细胞浓度, 其中大肠杆菌 23S rRNA 基因、铜绿假单胞菌 *ecfX* 基因均为单拷贝, 即 1 拷贝基因对应 1 个细胞; 致病性大肠杆菌浓度按总大肠杆菌数的 8% 计算。

(2) 摄食暴露: 仅针对大肠杆菌, 暴露途径为饮水。参考我国环境保护部 2013 年发布的《中国人群暴露参数手册 (成人卷)》推荐参数, 城乡人均饮水量为 1 152 mL/d^[26], 因此大肠杆菌每日通过饮水的暴露剂量计算如式 (1)。

$$D_{E. coli, 饮用} = C_{E. coli} \times 1152 = 1152C_{E. coli} \quad (1)$$

其中: $D_{E. coli, 饮用}$ ——大肠杆菌每日由饮用雨水的暴露剂量, 个;

$C_{E. coli}$ ——大肠杆菌浓度, 个/mL。

(3) 吸入暴露: 仅针对铜绿假单胞菌, 暴露途径包括淋浴、绿化喷洒、洗车和冲厕, 为简化计算, 本文假定淋浴、绿化喷洒及洗车活动的单日活动次数均

为 1 次。雨水利用过程中单日气溶胶吸入体积如表 5 所示。

表 5 4 种暴露情形下单日气溶胶的吸入量分布及在本文的取值

Tab. 5 Distribution of Aerosol Inhalation Volume under Four Exposure Situations and the Values in this Paper per Day

暴露途径	气溶胶吸入体积/mL	分布	吸入体积取值/mL
淋浴	[0.058, 1.900]	均匀分布	1.90 ^[27]
绿化喷洒	[2.000×10 ⁻⁶ , 1.100]	均匀分布	2.00×10 ⁻³ ^[27]
洗车	[0.060, 3.790]	均匀分布	1.93 ^[27]
冲厕	[0.010, 0.300]	均匀分布	1.49×10 ⁻⁹ ^[6]

采用表中各暴露情形下的气溶胶吸入体积取值,铜绿假单胞菌在不同暴露情形下的单日暴露剂量计算如式(2)~式(5)。

$$D_{PA,淋浴} = 1.9 \times C_{PA} \quad (2)$$

$$D_{PA,绿化喷洒} = 2 \times 10^{-3} \times C_{PA} \quad (3)$$

$$D_{PA,洗车} = 1.93 \times C_{PA} \quad (4)$$

$$D_{PA,冲厕} = 1.49 \times 10^{-9} \times C_{PA} \quad (5)$$

其中: $D_{PA,淋浴}$ ——雨水中铜绿假单胞菌在淋浴暴露情形下的单日暴露剂量,个;

$D_{PA,绿化喷洒}$ ——雨水中铜绿假单胞菌在绿化喷洒暴露情形下的单日暴露剂量,个;

$D_{PA,洗车}$ ——雨水中铜绿假单胞菌在洗车暴露情形下的单日暴露剂量,个;

$D_{PA,冲厕}$ ——雨水中铜绿假单胞菌在冲厕暴露情形下的单日暴露剂量,个;

C_{PA} ——铜绿假单胞菌在雨水中的浓度,个/mL。

(4)浓度数据处理:2种目标微生物的浓度数据均取所有样品浓度的平均值。

1.5.3 剂量-反应模型

通过文献调研,结合目标微生物的致病终点,确定大肠杆菌与铜绿假单胞菌对应的剂量-反应模型及参数,模型均用于计算单日感染概率(P_d)。

(1)大肠杆菌 O157:H7(致病终点为肠胃不适):采用 β -二项分布模型,如式(6)。

$$P_{E.coli,d} = 1 - \frac{1}{\left(1 + \frac{D}{N_{50}} \left(2^{\frac{1}{\alpha}} - 1\right)\right)^{\alpha}} \quad (6)$$

其中: $P_{E.coli,d}$ ——大肠杆菌剂量为 D 的每日感染概率;

α —— β -二项分布模型的参数,取值为 0.844^[28];

D ——单日摄入量,个;

N_{50} ——半数感染剂量,能引起 50% 暴露人群感染的病原微生物剂量,取值为 2.11×10^6 CFU/mL^[28]。

(2)铜绿假单胞菌(致病终点:肺部感染):采用修正 β -二项分布的简易阈值模型,如式(7)。

$$P_{PA,d} = \Gamma(k_{min}, D \times r) \quad (7)$$

其中: $P_{PA,d}$ ——铜绿假单胞菌剂量为 D 的单日感染概率;

k_{min} ——感染发生的最小阈值参数,取值为 11^[29];

r ——模型参数,取值为 4.12×10^{-6} ^[29];

Γ ——阈值函数。

1.5.4 风险表征

当前主流的 QMRA 评估标准主要有 2 类:一类是美国国家环境保护局(US EPA)提出的饮用水微生物年感染风险可接受水平低于 1×10^{-4} ^[28],属于感染风险标准;另一类是世界卫生组织(WHO)提出的饮用水微生物风险可接受水平[低于 1×10^{-6} DALYs/(人·a)]^[30],属于疾病负担标准。本文以 US EPA 提出的饮用水微生物年感染风险可接受水平(1×10^{-4})作为风险评估的评判标准。由于大肠杆菌和铜绿假单胞菌的浓度数据为单一数值,为便于评估,将 US EPA 年可接受风险水平转化为每日可接受风险水平,计算得每日可接受感染风险标准为 2.74×10^{-7} 。

2 结果与讨论

2.1 屋面径流雨水的微生物污染现状:普遍存在且以 OPs 为突出风险

本文通过对上海市某校园 4 栋典型建筑屋面径流雨水的 5 次事件采样(20 份样本)及对 4 号建筑 9 个月的长期监测(28 份样本),明确了屋面雨水系统中微生物的检出特征。

5 次事件采样结果显示(表 6),大肠杆菌、铜绿假单胞菌、军团菌属、分枝杆菌属和哈氏虫属在屋面径流雨水中均有检出,而嗜肺军团菌、鸟分枝杆菌和棘阿米巴虫属低于检测限。其中,所有样本中大肠杆菌均呈阳性;4 号建筑屋面径流雨水中上述检出的目标微生物均有 100% 检出;铜绿假单

胞菌和军团菌属在 1~3 号建筑屋面径流雨水中几乎有 100% 检出,分枝杆菌属和哈氏虫属检出率相

对较低,1~3 号建筑中分枝杆菌属检出率仅为 40%。

表 6 本地屋面径流雨水 5 次取样中目标微生物检出率
Tab. 6 Detection Rates of Target Microorganisms in Local Roof Runoff Rainwater

建筑编号	目标微生物检出率							
	大肠杆菌	铜绿假单胞菌	军团菌属	嗜肺军团菌	分枝杆菌属	鸟分枝杆菌	棘阿米巴虫属	哈氏虫属
1	100%	100%	100%	0	40%	0	0	80%
2	100%	100%	100%	0	40%	0	0	80%
3	100%	100%	80%	0	40%	0	0	60%
4	100%	100%	100%	0	100%	0	0	100%

长期监测结果(表 7)进一步表明,仅大肠杆菌、铜绿假单胞菌、军团菌属、分枝杆菌属和哈氏虫属有检出。其中,铜绿假单胞菌检出率达 100%,军团菌属和哈氏虫属检出率分别为 89% 和 86%,分枝杆菌属检出率仅为 11%,大肠杆菌检出

率为 71%。部分目标微生物检出率存在月份差异;大肠杆菌在 1 月—3 月检出率最低($\leq 33\%$);哈氏虫属在 2 月—3 月检出率最低(33%);分枝杆菌属仅在 7 月检出;军团菌属在 11 月未检出,总体检出率为 89%。

表 7 屋面径流雨水中目标微生物检出情况
Tab. 7 Detection Rates of Target Microorganisms in Roof Runoff Rainwater

月份	每月阳性样本数/样本总数(检出率)				
	大肠杆菌	铜绿假单胞菌	军团菌属	分枝杆菌属	哈氏虫属
11 月	2/2 (100%)	2/2 (100%)	0/2 (0)	0/2 (0)	2/2 (100%)
12 月	3/3 (100%)	3/3 (100%)	3/3 (100%)	0/3 (0)	3/3 (100%)
次年 1 月	1/4 (25%)	4/4 (100%)	4/4 (100%)	0/4 (0)	4/4 (100%)
次年 2 月	1/3 (33%)	3/3 (100%)	2/3 (67%)	0/3 (0)	1/3 (33%)
次年 3 月	1/3 (33%)	3/3 (100%)	3/3 (100%)	0/3 (0)	1/3 (33%)
次年 4 月	4/4 (100%)	4/4 (100%)	4/4 (100%)	0/4 (0)	4/4 (100%)
次年 5 月	1/2 (50%)	2/2 (100%)	2/2 (100%)	0/2 (0)	2/2 (100%)
次年 6 月	3/3 (100%)	3/3 (100%)	3/3 (100%)	0/3 (0)	3/3 (100%)
次年 7 月	4/4 (100%)	4/4 (100%)	4/4 (100%)	3/4 (75%)	4/4 (100%)

上述结果初步揭示了上海市屋面径流雨水存在广泛的微生物污染,其中 OPs 的检出尤为显著。铜绿假单胞菌在短期事件采样和长期监测中均 100% 检出,充分印证了其作为环境适应性极强的 OPs 在各种水体环境(包括人工集水系统表面)的普遍定殖能力^[5]。军团菌属和哈氏虫属的高检出率(89%、86%)也需警惕,虽未检出高致病性的嗜肺军团菌和鸟分枝杆菌,但军团菌属包含 65 余个物种,至少 12 种已确认对人类致病^[31-32],结合国际上屋面雨水系统引发军团病的案例^[8],军团菌属的潜在感染风险不容忽视。此外,哈氏虫属作为自由生活阿米巴,是军团菌等 OPs 的理想宿主,可通过内共生关系促进后者增殖、增强持久性和

毒力^[14,32],进一步放大储存环节的风险。

值得注意的是,粪便指示菌大肠杆菌长期监测检出率为 71%,表明屋面径流存在粪源污染途径(如鸟类活动),与国际研究^[1]结论一致。但本文中屋面径流(源头水)的 OPs 浓度相对较低(如军团菌属最高为 1.6×10^4 copies/mL)(图 2),显著低于 Hamilton 等^[33]报告的澳大利亚储存雨水浓度为 3~3 100 copies/mL),这主要归因于本文采样为未经储存的屋顶落水管径流,避免了储存过程中利于微生物滋生的条件;且 4 号建筑屋顶设计较清洁(配备沟筛网),可能降低初始污染负荷。这凸显了区分“源头径流污染”与“储存过程增殖”的重要性,源头水质是评估整个雨水利用系统微生物风险的基础。

2.2 微生物浓度与总生物量的季节动态: 温度驱动下的微生物活性与 OPs 增殖

长期监测中,通过测定 16S rRNA 基因浓度反映屋面径流雨水中总生物量浓度变化^[34],数据显示屋面径流雨水的总生物量存在显著季节差异(图 1)。4 月—7 月屋面径流雨水平均总生物量(2.4×10^7 copies/mL)显著高于 11 月—次年 3 月(2.3×10^5 copies/mL)。

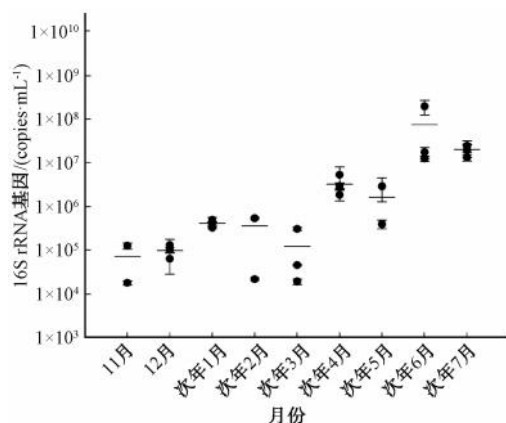


图 1 不同月份屋面径流雨水 16S rRNA 基因浓度

Fig. 1 Concentrations of 16S rRNA Gene in Roof Runoff Rainwater

目标微生物浓度数据(图 2)显示:大肠杆菌浓度为 $0 \sim 3.6 \times 10^3$ copies/mL, 阳性样本平均为 3.9×10^2 copies/mL; 铜绿假单胞菌浓度为 $0 \sim 134$ copies/mL, 阳性样本平均为 69 copies/mL; 军团菌属浓度为 $0 \sim 1.6 \times 10^4$ copies/mL, 阳性样本平均为 2.0×10^3 copies/mL; 分枝杆菌属浓度为 $0 \sim 2.4 \times 10^4$ copies/mL, 阳性样本平均为 4.8×10^3 copies/mL; 哈氏虫属浓度为 $0 \sim 1.2 \times 10^3$ copies/mL, 阳性样本平均为 462 copies/mL。

季节变化方面,铜绿假单胞菌浓度波动较小;军团菌属、分枝杆菌属浓度波动达 4 个数量级,4 月—7 月浓度攀升;哈氏虫属仅在 7 月有高浓度检出;大肠杆菌、军团菌属和分枝杆菌属均在 4 月—7 月浓度较高。

上述结果清晰揭示了屋面径流雨水微生物污染,尤其是 OPs 的季节性波动,核心驱动因素为环境温度。4 月—7 月上海气温为 $20 \sim 30$ °C,总生物量显著高于冷季,军团菌属和分枝杆菌属在此期间浓度达峰值,这与其最适生长温度吻合:军团菌最适生长温度为 $25 \sim 42$ °C^[35],非结核分枝杆菌在温暖环

境中更活跃,且雨水易将其从屋顶沉积物中释放^[36]。哈氏虫属高浓度集中在 7 月也与高温相关。

铜绿假单胞菌浓度全年稳定,与其可在 $5 \sim 42$ °C 宽温度范围生长的强环境适应性相符,表明其污染具有持续性,应作为长期监控指标。此外,7 月分枝杆菌属集中检出(75% 样本阳性),除温度因素外,可能与上海夏季高降雨量(7 月为 $150 \sim 200$ mm)有关,强降雨冲刷屋顶积累的枯枝落叶等有机物质,为分枝杆菌提供碳源和附着载体^[36],这强调了高温多雨季节需强化屋面雨水预处理(如初期弃流、增设过滤装置)。

2.3 屋面径流雨水中目标微生物指标的相关性: 共生关系与指示菌应用的局限性

针对目标基因浓度的 Spearman 相关性分析(表 8)显示:所有目标微生物与 16S rRNA 基因均呈正相关性($P < 0.05$),其中,16S rRNA 基因与大肠杆菌($r = 0.67$)、军团菌属($r = 0.76$)呈较强相关性($P < 0.05$),与铜绿假单胞菌($r = 0.41$)和哈氏虫属($r = 0.49$)呈弱相关性($P < 0.05$),与分枝杆菌属呈强相关性($r = 0.82, P < 0.05$);军团菌属与大肠杆菌呈较强的正相关性($r = 0.51, P < 0.05$),哈氏虫属与大肠杆菌呈弱的正相关性($r = 0.39, P < 0.05$),分枝杆菌属与大肠杆菌呈较强的正相关性($r = 0.69, P < 0.05$);军团菌属与铜绿假单胞菌呈弱的正相关性($r = 0.39, P < 0.05$),哈氏虫属与铜绿假单胞菌同样呈弱的正相关性($r = 0.43, P < 0.05$);分枝杆菌属与军团菌属呈较强的正相关性($r = 0.74, P < 0.05$),哈氏虫属与军团菌属呈较强的正相关性($r = 0.54, P < 0.05$)。结果揭示了微生物指标间的特定关联模式,对风险评估和监测策略有重要启示。

军团菌属与哈氏虫属的强共生关系($r = 0.54, P < 0.05$),印证了环境水体中阿米巴原虫与军团菌的普遍共生现象。哈氏虫属作为宿主,通过吞噬作用形成“内共生体”,为军团菌提供保护并促进增殖、增强致病性^[37]。因此,两者共检出时,预示储存环节军团菌大量滋生并维持高毒力的风险显著增高,需优先实施消毒(如紫外线、氯消毒)。

大肠杆菌与军团菌属($r = 0.51, P < 0.05$)、分枝杆菌属($r = 0.69, P < 0.05$)的较强正相关,表明在未储存的屋面径流中,粪便指示菌大肠杆菌可一定程度反映部分 OPs 的潜在趋势。这与储存雨水研究结论(如 Hamilton 等^[33]、Ahmed 等^[4] 报告粪便指示

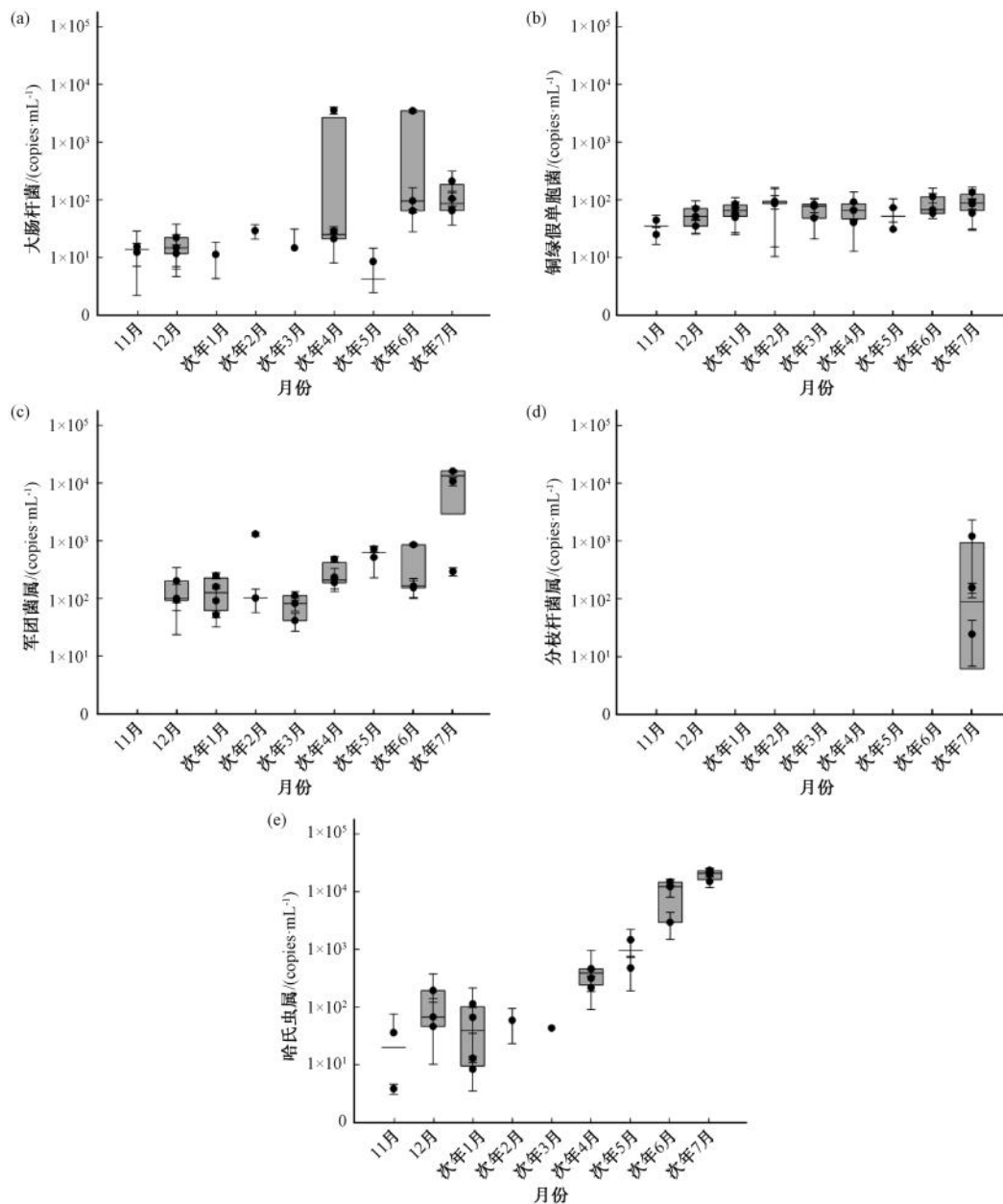


图 2 不同月份屋面径流雨水中目标微生物浓度

Fig. 2 Target Microorganisms Concentration in Roof Runoff Rainwater in Different Months

表 8 屋面径流雨水微生物指标之间相关性

Tab. 8 Correlation among Microbial Indices of Roof Runoff Rainwater

指标	Spearman 相关性系数 r					
	16S rRNA	大肠杆菌	铜绿假单胞菌	军团菌属	分枝杆菌属	哈氏虫属
16S rRNA	—	—	—	—	—	—
大肠杆菌	0.67 (0.00)	—	—	—	—	—
铜绿假单胞菌	0.41 (0.03)	0.05 (0.79)	—	—	—	—
军团菌属	0.76 (0.00)	0.51 (0.01)	0.39 (0.04)	—	—	—
分枝杆菌属	0.82 (0.00)	0.69 (0.00)	0.21 (0.28)	0.74 (0.00)	—	—
哈氏虫属	0.49 (0.01)	0.39 (0.04)	0.43 (0.02)	0.54 (0.00)	0.54 (0.00)	—

注:括号里为 P 值。

菌与 OPs 无关联) 不同, 推测因屋面径流污染来源 (如鸟类粪便、大气沉降) 可能同时携带大肠杆菌和环境 OPs, “共来源” 关系在储存前较直接; 而储存过程的微生物群落动态或环境变化可能削弱这种关联。

但需注意, 大肠杆菌与铜绿假单胞菌无显著相关性 ($r = 0.05, P > 0.05$)。铜绿假单胞菌污染更多与屋顶材料表面生物膜相关^[38], 来源和生态位与粪源指示菌不同。这表明仅依赖大肠杆菌无法全面评估屋面雨水的微生物安全风险, 尤其难以反映环境来源 OPs (如铜绿假单胞菌) 的污染。

2.4 屋面径流雨水微生物群落结构随时间变化

为探究屋面径流雨水微生物群落的时间动态特征, 本文随机选取 3 月—7 月的雨水 DNA 样品进行高通量测序分析。测序共获得 316 420 条 Illumina 有效序列, 依据 97% 的序列相似度进行 OTU 聚类, 得到 1 044 个 OTU; 通过比对 Silva 数据库 (SSU123, 比对阈值 70%), 共识别出 453 个物种, 覆盖了屋面径流雨水微生物的主要类群。

微生物群落多样性分析显示, 各样本的 Shannon 指数曲线在测序序列数达到 5 000 时均趋向平坦 (图 3), 表明本文的测序深度已满足微生物群落结构分析的需求, 可全面反映群落多样性信息。时间维度上, 不同月份屋面雨水样品的微生物群落多样性存在显著差异: 5 月样品的 Shannon 指数最高, 提示该月份屋面径流雨水微生物多样性最丰富; 而代表物种丰度的 Chao 指数分析显示, 各月份样品间的微生物物种丰度无显著差异 (学生 t 检验, $P > 0.05$) (图 4)。这一结果与 Evans 等^[36] 关于“季节

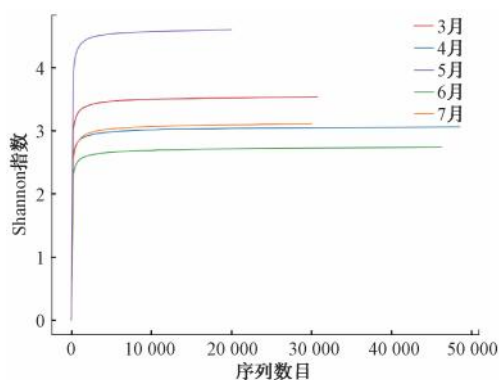


图 3 不同月份屋面径流雨水微生物群落 Shannon 指数

Fig. 3 Shannon Index of Microflora of Roof Runoff Rainwater in Different Months

影响屋面雨水微生物群落结构而非丰度”的研究结论部分一致, 推测因屋面环境 (如温度、降水冲刷强度) 随季节波动, 可能改变微生物的存活与竞争格局, 进而影响群落多样性, 但屋顶有限的营养供给 (如有机碎屑总量相对稳定) 限制了物种丰度的显著变化^[39]。

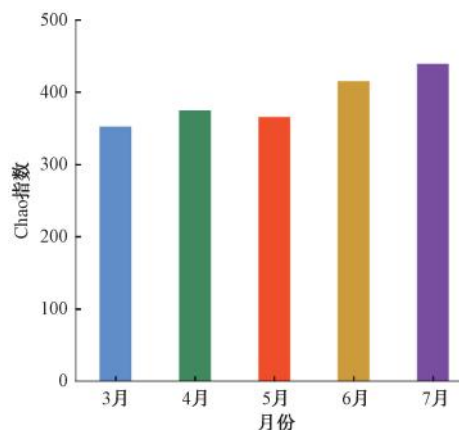


图 4 不同月份屋面径流雨水微生物群落 Chao 指数

Fig. 4 Chao Index of Microflora of Roof Runoff Rainwater in Different Months

从群落组成来看 (图 5), 在识别出的 453 个物种中, 乳酸杆菌属 (*Lactobacillus*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、甲基杆菌属 (*Methylobacterium*)、曲杆菌属 (*Flectobacillus*) 和马赛菌属 (*Massilia*) 为优势类群, 相对丰度均超过 5%。其中, 假单胞菌属包含铜绿假单胞菌等致病性菌株, 与本文 1.3.1 节中铜绿假单胞菌 100% 检出的结果相互印证, 进一步证实该属在屋面径流雨水的普遍存在; 而曲杆菌属 (*Flectobacillus*)、阿克曼菌属 (*Akkermansia*) 等环境菌对人体无害^[39]。此外, 微小杆菌属 (*Exiguobacterium*) (具备硝酸盐还原、有机污染物降解能力)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) (可代谢芳香化合物) 等功能性菌属的检出, 提示屋面径流雨水微生物群落可能通过代谢作用参与污染物转化, 为雨水储存过程的水质自净提供潜在可能^[39]。

2.5 屋面径流雨水在使用过程中的潜在风险

基于 QMRA 方法, 结合屋面径流雨水目标致病菌平均浓度及表 9 中暴露剂量与感染风险数据, 重点量化并分析大肠杆菌 (饮水途径) 与铜绿假单胞菌 (气溶胶吸入途径) 的核心风险, 明确不同使用场景的安全差异。

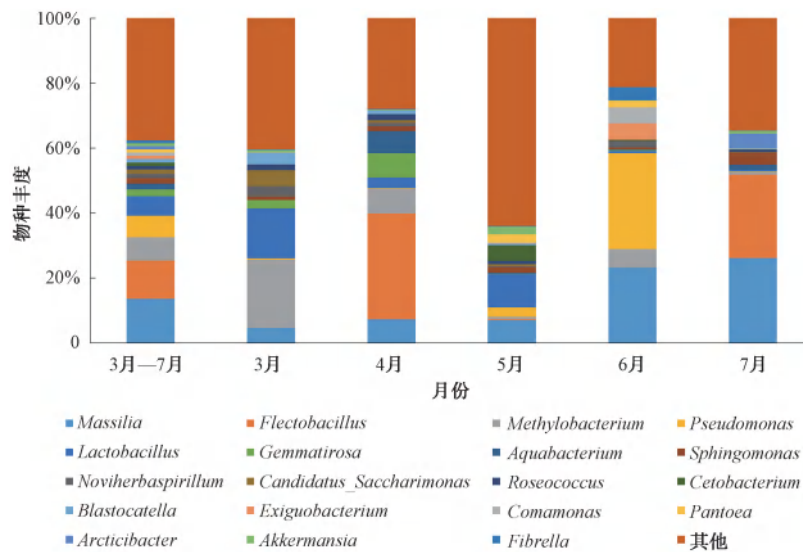


图 5 不同月份屋面径流雨水微生物群落构成

Fig. 5 Microflora Composition of Roof Runoff Rainwater in Different Months

表 9 屋面径流雨水使用过程目标致病菌的暴露剂量与感染风险

Tab. 9 Exposure Dose and Infection Risk of Target Pathogens during the Usage of Roof Runoff Rainwater

目标微生物	感染方式	暴露途径	致病菌平均浓度/ (个·mL ⁻¹)	单日暴露剂量/个	单日感染风险	日可接受感染 风险标准
大肠杆菌	摄入肠道感染	饮水	280	322 560	0.139	
		淋浴	69	131.1	4.9×10 ⁻⁵	
铜绿假单胞菌	吸入感染	绿化喷洒	69	0.138	5.17×10 ⁻⁸	2.74×10 ⁻⁷
		洗车	69	133.17	4.99×10 ⁻⁴	
		冲厕	69	1.03×10 ⁻⁷	3.86×10 ⁻¹⁴	

2.5.1 大肠杆菌饮水感染风险

以表 9 中大肠杆菌平均浓度 (280 个/mL) 及城乡人均日饮水量 1 152 mL 为基础, 计算得单日暴露剂量为 322 560 个 [式 (1)], 代入 β -二项分布模型 ($\alpha=0.844, N_{50}=2.11 \times 10^6$ CFU/mL) 后, 单日感染风险达 0.139 (13.9%), 显著高于 US EPA 提出的日可接受感染风险标准 (2.74×10^{-7}), 直接证实未经处理的屋面径流雨水作为饮用水存在高肠道感染风险。需说明的是, 该风险评估存在一定高估可能: 一是本文假设 8% 的大肠杆菌具有致病性, 并采用高致病性的 O157:H7 菌株剂量-反应模型, 实际屋面径流中致病性大肠杆菌比例或更低; 二是现实中雨水饮用前常经煮沸、紫外线消毒等处理, 可大幅降低病原体浓度, 且长期暴露人群或产生一定免疫力, 均会削弱实际风险。此外, 我国西北干旱地区虽有饮用窖藏雨水的习惯, 但

因疾病溯源数据缺失、农村医疗统计不完善, 相关感染病例可能存在漏报^[40], 需结合实际应用场景进一步验证。

2.5.2 铜绿假单胞菌吸入感染风险

结合表 9 中铜绿假单胞菌平均浓度 (69 个/mL) 及各场景气溶胶吸入体积 (表 5), 计算单次暴露剂量 [式 (2)~式 (5)] 并代入简易阈值模型 [式 (7), $k_{\min}=11, r=4.12 \times 10^{-6}$], 所有场景 $D \times r$ (最大为洗车场景 5.49×10^{-4}) 均远小于 $k_{\min}=11$, 符合阈值函数 $P=D \times r / k_{\min}$ 的应用条件, 核心风险差异如下。

(1) 高风险场景: 淋浴 (单次感染风险 4.9×10^{-5})、洗车 (4.99×10^{-4}), 2 类场景风险均显著超过 US EPA 日可接受标准, 主要因单次气溶胶吸入体积 (淋浴 1.9 mL、洗车 1.93 mL) 远高于其他场景, 导致暴露剂量 (131.1、133.17 个) 足以触发感

染风险。

(2) 中风险场景:绿化喷洒 (5.17×10^{-8}), 风险接近可接受阈值, 需关注高频次使用时的累积风险;

(3) 低风险场景: 冲厕 (3.86×10^{-14}), 风险远低于安全标准, 可简化处理后使用。

结合铜绿假单胞菌 100% 检出的结果, 淋浴、洗车等高气溶胶产生场景需优先强化消毒(如储存罐后增设紫外线消毒装置), 避免吸入感染风险。

综上, 屋面径流雨水使用需遵循“分质利用”原则: 直接饮水与淋浴、洗车等高风险场景, 需通过“源头控制 + 过程消毒”双重管控; 冲厕等低风险场景可简化处理。该结论为海绵城市雨水利用系统的安全设计与风险管控提供了定量依据。

2.6 研究局限

本文虽系统揭示了上海市校园建筑屋面径流雨水的 OPs 污染特征与风险, 但仍存在以下局限性, 需在后续研究中完善。

(1) 采样代表性局限: 采样对象仅覆盖上海市某校园的 4 栋建筑, 未涉及居民住宅、工业厂房等不同使用功能、屋顶材料(如沥青、混凝土、金属等)及污染来源(如周边交通、工业排放、绿化覆盖)的屋面类型, 结果在不同区域、不同建筑场景下的普适性有待进一步验证。

(2) 研究链条局限: 聚焦屋面径流(源头水)的微生物特征与风险评估, 未跟踪雨水进入储存设施(如水箱、蓄水池)后的群落动态演变, 也未探究储存过程中环境因子(温度、溶解氧、营养盐)对条件致病菌滋生/消亡的影响, 无法完整揭示“收集-储存-利用”全链条的微生物风险传递规律。

(3) 风险评估边界局限: QMRA 仅针对大肠杆菌(饮水)与铜绿假单胞菌(吸入)两类目标微生物, 未涵盖军团菌属、分枝杆菌属等其他高风险条件致病菌; 且未考虑不同人群(如免疫缺陷者、儿童、老年人)的暴露差异, 风险评估结果未能完全反映特殊易感人群的健康威胁。

3 结论

本文以上海市校园建筑屋面径流雨水为对象, 通过事件采样、长期监测结合 qPCR、高通量测序及 QMRA, 明确屋面径流雨水 OPs 的污染特征与风险, 核心结论如下。

(1) 屋面径流雨水微生物污染普遍, OPs 为核心风险

铜绿假单胞菌检出率为 100%, 军团菌属、哈氏虫属检出率分别达 89%、86%, 三者构成主要 OPs 风险; 大肠杆菌检出率为 71% (指示粪源污染), 但与铜绿假单胞菌无显著相关性 ($r=0.05, P=0.79$), 凸显传统单一指示菌监测的局限性。

(2) 微生物污染呈现显著的季节动态, 温度是主要驱动因子

4 月—7 月平均总生物量 (2.4×10^7 copies/mL) 较 11 月—次年 3 月冷季高 2 个数量级, 军团菌属、分枝杆菌属在高温期 ($20 \sim 30$ °C) 浓度波动达 4 个数量级; 铜绿假单胞菌因适应宽温域, 全年浓度稳定 (平均为 69 copies/mL), 需长期监控; 7 月分枝杆菌属集中检出 (75% 阳性), 与强降雨冲刷屋顶有机碎屑、提供碳源和附着载体相关。

(3) 微生物关联为防控提供靶向方向

军团菌属与哈氏虫属强正相关 ($r=0.54, P<0.05$), 共检出时需优先消毒; 大肠杆菌与军团菌属、分枝杆菌属显著正相关 (r 分别为 0.51、0.69), 可部分反映二者源头污染趋势。高通量测序发现 453 个物种, 5 月群落多样性最高, 微小杆菌属(具硝酸盐还原能力)、鞘氨醇单胞菌属(可代谢芳香化合物)等功能性菌属为雨水储存过程的水质自净提供潜在可能, 为风险管控提供生态视角支撑(如可通过调控这类功能性菌属强化雨水预处理)。

(4) 屋面雨水使用风险场景差异化, 需分质管控

QMRA 显示: 直接饮水时大肠杆菌单日感染风险 0.139 (13.9%), 远超 US EPA 标准 (2.74×10^{-7}); 铜绿假单胞菌吸入风险中, 淋浴 (4.9×10^{-5})、洗车 (4.99×10^{-4}) 显著超标, 绿化喷洒 (5.17×10^{-8})、冲厕 (3.86×10^{-14}) 风险可控, 需按场景实施“源头清洁+过程消毒”或简化处理。

本文为海绵城市雨水利用提供支撑: 源头需优化屋顶设计与清洁, 高温季强化储存管控, 监测需建立多指标体系, 实现全链条风险防控。后续需针对免疫缺陷者等易感人群优化 QMRA 模型, 并探索功能性菌属在雨水自净中的应用, 进一步完善风险管控体系。

参考文献

[1] Hamilton K, Reyneke B, Waso M, et al. A global review of the

- microbiological quality and potential health risks associated with roof-harvested rainwater tanks[J]. *npj Clean Water*, 2019, 2: 7. DOI: 10.1038/s41545-019-0030-5.
- [2] 凌海. 水环境治理中的城市雨水收集与利用系统设计[J]. 黑龙江环境通报, 2024, 37(10): 102-104.
Ling H. Design of urban rainwater collection and utilization system in water environment management [J]. *Heilongjiang Environmental Journal*, 2024, 37(10): 102-104.
- [3] Reyneke B, Khan S, Khan W. Social perception and risk assessment of domestic uses of solar pasteurized rainwater in an informal settlement community [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2023, 11(5): 110532. DOI: 10.1016/j.jece. 2023. 110532.
- [4] Ahmed W, Brandes H, Gyawali P, et al. Opportunistic pathogens in roof-captured rainwater samples, determined using quantitative PCR [J]. *Water Research*, 2014, 53: 361-369. DOI: 10.1016/j.watres. 2013. 12. 021.
- [5] LeChevallier M W, Prosser T, Stevens M. Opportunistic pathogens in drinking water distribution systems—A review [J]. *Microorganisms*, 2024, 12 (5): 916. DOI: 10.3390/microorganisms12050916.
- [6] Hamilton K A, Hamilton M T, Johnson W, et al. Health risks from exposure to Legionella in reclaimed water aerosols: Toilet flushing, spray irrigation, and cooling towers [J]. *Water Research*, 2018, 134: 261-279. DOI: 10.1016/j.watres. 2017. 12. 022.
- [7] Prati D, Ruscica G, Veigelts E. Rainwater harvesting and reuse: A preliminary review [M] // *Proceedings of the 11th international conference of Ar. Tec. (scientific society of architectural engineering)*. Switzerland: Springer Nature, 2024: 605-622.
- [8] Simmons G, Jury S, Thornley C, et al. A Legionnaires' disease outbreak: A water blaster and roof-collected rainwater systems [J]. *Water Research*, 2008, 42(6/7): 1449-1458.
- [9] Bai L, Yang W, Li Y Y. Clinical and laboratory diagnosis of legionella pneumonia [J]. *Diagnostics*, 2023, 13 (2): 280. DOI: 10.3390/diagnostics/3020280.
- [10] Matsuyama M, Matsumura S, Nonaka M, et al. Pathophysiology of pulmonary nontuberculous mycobacterial (NTM) disease [J]. *Respiratory Investigation*, 2023, 61(2): 135-148.
- [11] Büchele M L C, Nunes B F, Filippin-Monteiro F B, et al. Diagnosis and treatment of Acanthamoeba Keratitis: A scoping review demonstrating unfavorable outcomes [J]. *Contact Lens and Anterior Eye*, 2023, 46(4): 101844. DOI: 10.1016/j.clae. 2023. 101844.
- [12] Driscoll J A, Brody S L, Kollef M H. The epidemiology, pathogenesis and treatment of pseudomonas aeruginosa infections [J]. *Drugs*, 2007, 67(3): 351-368.
- [13] Kaushik R, Balasubramanian R, Dunstan H. Microbial quality and phylogenetic diversity of fresh rainwater and tropical freshwater reservoir [J]. *PLoS One*, 2014, 9 (6): e100737. DOI: 10.1371/journal.pone.0100737.
- [14] Zhang X D, Xia S Q, Zhao R Z, et al. Effect of temperature on opportunistic pathogen gene markers and microbial communities in long-term stored roof-harvested rainwater [J]. *Environmental Research*, 2020, 181: 108917. DOI: 10.1016/j.envres. 2019. 108917.
- [15] Perera W A K, Magana-Arachchi D N. Microbial diversity in rainwater with correspondence to particulate matter and environmental factors [J]. *Journal of Sustainability and Environmental Management*, 2022, 1(4): 410-418.
- [16] Hamilton K A, Ahmed W, Toze S, et al. Human health risks for Legionella and Mycobacterium avium complex (MAC) from potable and non-potable uses of roof-harvested rainwater [J]. *Water Research*, 2017, 119: 288-303. DOI: 10.1016/j.watres. 2017. 04. 004.
- [17] Johnston J M, Jahne M A. Quantitative microbial risk assessment of pathogen exposure from rainwater used in high-pressure vehicle washing [J]. *Journal of Water and Health*, 2025, 23(3): 428-438.
- [18] John C K, Pu J H, Moruzzi R, et al. Health-risk assessment for roof-harvested rainwater via QMRA in Ikorodu area, Lagos, Nigeria [J]. *Journal of Water and Climate Change*, 2021, 12 (6): 2479-2494.
- [19] Zhang X D, Xia S Q, Ye Y Y, et al. Opportunistic pathogens exhibit distinct growth dynamics in rainwater and tap water storage systems [J]. *Water Research*, 2021, 204: 117581. DOI: 10.1016/j.watres. 2021. 117581.
- [20] Bolger A M, Lohse M, Usadel B. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data [J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(15): 2114-2120.
- [21] Edgar R C. UPARSE: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996-998.
- [22] Bacci G, Bani A, Bazzicalupo M, et al. Evaluation of the performances of ribosomal database project (RDP) classifier for taxonomic assignment of 16S rRNA metabarcoding sequences generated from illumina-solexa NGS [J]. *Journal of Genomics*, 2015, 3: 36-39. DOI: 10.7150/jgen.9204.
- [23] Rhoads W J, Ji P, Pruden A, et al. Water heater temperature set point and water use patterns influence Legionella pneumophila and associated microorganisms at the tap [J]. *Microbiome*, 2015, 3: 67. DOI: 10.1186/s40168-015-0134-1.
- [24] Haas C N, Rose J B, Gerba C P. Quantitative microbial risk assessment [M]. John Wiley & Sons, 2014.
- [25] Mare A D, Ciurea C N, Man A, et al. Enteropathogenic *Escherichia coli*—A summary of the literature [J]. *Gastroenterology Insights*, 2021, 12(1): 28-40.
- [26] 赵秀阁, 段小丽. 中国人群暴露参数手册 (成人卷) [M]. 北

- 京: 中国环境科学出版社, 2014.
- Zhao X G, Duan X L. Exposure factors handbook of Chinese population[M]. Beijing: China Environmental Press, 2014.
- [27] Ahmed W, Vieritz A, Goonetilleke A, et al. Health risk from the use of roof-harvested rainwater in southeast Queensland, Australia, as potable or nonpotable water, determined using quantitative microbial risk assessment [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(22): 7382-7391.
- [28] Ryan M O, Haas C N, Gurian P L, et al. Application of quantitative microbial risk assessment for selection of microbial reduction targets for hard surface disinfectants [J]. American Journal of Infection Control, 2014, 42(11): 1165-1172.
- [29] Dean K, Mitchell J. Reverse QMRA for *Pseudomonas aeruginosa* premise plumbing to inform risk management [J]. Journal of Environmental Engineering, 2020, 146(3): 04019120. DOI: 10.1061/(ASCE)EE.1943-7870.0001641.
- [30] Organization W H. Dracunculus: background document for the WHO guidelines for drinking-water quality [M]. Geneva: World Health Organization, 2025.
- [31] Viasus D, Gaia V, Manzur-Barbur C, et al. Legionnaires' disease: Update on diagnosis and treatment [J]. Infectious Diseases and Therapy, 2022, 11(3): 973-986.
- [32] Diederer B M W. *Legionella* spp. and legionnaires' disease [J]. Journal of Infection, 2008, 56(1): 1-12.
- [33] Hamilton K A, Ahmed W, Palmer A, et al. Public health implications of *Acanthamoeba* and multiple potential opportunistic pathogens in roof-harvested rainwater tanks [J]. Environmental Research, 2016, 150: 320-327. DOI: 10.1016/j.envres.2016.06.017.
- [34] Wang H, Masters S, Falkinham III J O, et al. Distribution system water quality affects responses of opportunistic pathogen gene markers in household water heaters [J]. Environmental Science & Technology, 2015, 49(14): 8416-8424.
- [35] Bartram J, Chartier Y, Lee J V, et al. Legionella and the prevention of legionellosis [M]. Geneva: World Health Organization, 2007.
- [36] Evans C A, Coombes P J, Dunstan R H. Wind, rain and bacteria: The effect of weather on the microbial composition of roof-harvested rainwater [J]. Water Research, 2006, 40(1): 37-44.
- [37] Delafont V, Rodier M H, Maisonneuve E, et al. *Vermamoeba vermiformis*: A free-living amoeba of interest [J]. Microbial Ecology, 2018, 76(4): 991-1001.
- [38] Kim M, Han M. Role of biofilms in improving microbial quality in rainwater tanks [J]. Desalination and Water Treatment, 2015, 53(10): 2579-2584.
- [39] Evans C A, Coombes P J, Dunstan R H, et al. Extensive bacterial diversity indicates the potential operation of a dynamic micro-ecology within domestic rainwater storage systems [J]. Science of the Total Environment, 2009, 407(19): 5206-5215.
- [40] 葛承轩. 干旱区农村雨水集蓄饮用水安全现状分析与对策 [J]. 农业科技与信息, 2012(24): 18-19.
- Ge C X. Analysis and countermeasures of drinking water safety in rural rainwater collection in arid areas [J]. Agricultural Science-Technology and Information, 2012(24): 18-19.

(上接第 122 页)

- Chinese Journal of Environmental Engineering, 2022, 16(4): 1238-1247.
- [2] 付嘉琦, 桂双林, 易其臻, 等. 基于三维荧光及平行因子分析的南昌市某河可溶性有机物溯源及治理策略 [J]. 环境工程学报, 2023, 17(11): 3487-3496.
- Fu J Q, Gui S L, Yi Q Z, et al. Dissolved organic matter source identification and treatment strategies of a river in Nanchang based on three-dimensional excitation emission matrix fluorescence spectroscopy and parallel factor analysis [J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2023, 17(11): 3487-3496.
- [3] 智国铮. 三维荧光光谱技术在水环境中的研究与应用进展 [J]. 四川环境, 2021, 40(5): 257-261.
- Zhi G Z. Research progress and application of three dimensional fluorescence spectra technique in water environment [J]. Sichuan Environment, 2021, 40(5): 257-261.
- [4] 方小云, 檀海兵, 赵龙海, 等. 基于三维荧光光谱技术的水域水污染溯源检测方法研究 [J]. 环境科学与管理, 2021, 46(12): 138-140.
- Fang X Y, Tan H B, Zhao L H, et al. Traceable detection method for water pollution based on 3D fluorescence spectroscopy [J]. Environmental Science and Management, 2021, 46(12): 138-140.