

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法

杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年5月

第42卷 第5期
Vol.42 No.5

目次

北京冬季 PM _{2.5} 中有机气溶胶的化学特征和来源解析	徐楠, 王甜甜, 李晓, 唐荣志, 郭松, 胡敏 (2101)
北京地区 2019 年 2~3 月供暖结束后两次污染过程特征分析	尹晓梅, 蒲维维, 王继康, 刘湘雪, 乔林 (2110)
北京 2019 年冬季一次典型霾污染特征与成因分析	廉涵阳, 杨欣, 张普, 陈义珍, 杨小阳, 赵好希, 何友江, 赵丹婷 (2121)
青岛沿海地区夏季和冬季新粒子生成特征对比	孙悦, 朱玉姣, 孟赫, 刘兵, 刘玉虹, 董灿, 姚小红, 王文兴, 薛丽坤 (2133)
太原市城乡居民采暖季室内灰尘中重金属的污染特征及其生态风险评价	黄浩, 徐子琪, 严俊霞, 赵秀阁, 王丹璐 (2143)
西安市新装修公共场所空气污染物浓度分析及健康风险评价	范洁, 樊灏, 沈振兴, 党文鹏, 郑伟, 王志华, 付毅 (2153)
超低排放典型燃烧源颗粒物及水溶性离子排放水平与特征	胡月琪, 王铮, 郭建辉, 冯亚君, 丁萌萌, 颜旭 (2159)
合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落的高通量测序分析	姜少毅, 孙博文, 代海涛, 王润芳, 马大卫, 朱仁斌 (2169)
郑州市细颗粒物时空差异及管控措施影响	董喆, 袁明浩, 苏方成, 张剑飞, 孙佳葆, 张瑞芹 (2179)
2016~2019 年江西省臭氧污染特征与气象因子影响分析	钱悦, 许彬, 夏玲君, 陈燕玲, 邓力琛, 王欢, 张根 (2190)
天山北坡城市群气溶胶光学特性时空分布特征	张喆, 王建丽, 王瑾杰, 陈香月, 刘兴涛, 阿提干·吾斯曼 (2202)
基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法	杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺 (2213)
太湖水体 Chl-a 预测模型 ARIMA 的构建及应用优化	李娜, 李勇, 冯家成, 单雅洁, 钱佳宁 (2223)
松花湖水水质空间差异及富营养化空间自相关分析	丁洋, 赵进勇, 张晶, 付意成, 彭文启, 陈渠昌, 李艳艳 (2232)
会仙岩溶湿地丰平枯水期地表水污染及灌溉适用性评价	朱丹尼, 邹胜章, 李军, 樊连杰, 赵一, 谢浩, 朱天龙, 潘民强, 徐利 (2240)
京杭大运河中下游段天然水化学变化特征及驱动因素	程中华, 邓义祥, 卓小可, 代丹, 于涛 (2251)
次降雨过程中不同土地利用配置对径流中氮流失的影响	罗义峰, 陈方鑫, 周豪, 龙翼, 严冬春, 谭文浩, 李丹丹, 陈晓燕 (2260)
碳氮同位素解析典型岩溶流域地下水中硝酸盐来源与归趋	任坤, 潘晓东, 梁嘉鹏, 彭聪, 曾洁 (2268)
冰封状态下里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异	李文宝, 杨旭, 田雅楠, 杜蕾 (2276)
城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析: 以京津冀北运河为例	邱莹, 靳燕, 苏振华, 邱琰茗, 赵栋梁, 郭道宇 (2287)
太湖春夏两季反硝化与厌氧氨氧化速率的空间差异及其影响因素	赵锋, 许海, 詹旭, 朱广伟, 郭宇龙, 康丽娟, 朱梦圆 (2296)
三峡库区典型支流水库浮游动植物群落结构特征及其与环境因子的关系	陈莎, 谢青, 付梅, 江韬, 王永敏, 王定勇 (2303)
铁硫改性生物炭去除水中的磷	桑倩倩, 王芳君, 赵元添, 周强, 蔡雨麒, 邓颖, 田文清, 陈永志, 马娟 (2313)
钢渣对水体中磷的去除性能及机制解析	罗晓, 张峻搏, 何磊, 杨雪晶, 吕鹏翼 (2324)
BS-18 两性修饰膨润土对四环素和诺氟沙星复合污染的吸附	王新欣, 孟昭福, 刘欣, 王腾, 胡啸龙, 孙秀贤 (2334)
Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ 复合光催化剂的制备及其可见光催化性能	高闯闯, 刘海成, 孟无霜, 郝双玲, 薛婷婷, 陈国栋, Joseph Acquah (2343)
可见光驱动下罗丹明 B 自活化过硫酸盐降解双酚 A	张怡晨, 白雪, 石娟, 金鹏康 (2353)
铁钛共掺杂氧化铝诱导表面双反应中心催化臭氧氧化去除水中污染物	张帆, 宋阳, 胡春, 吕来 (2360)
硫化铁铜双金属复合材料的制备及除铬机制	屈敏, 王源, 陈辉霞, 王兴润, 徐红彬 (2370)
电催化-生物电化学耦合系统处理青霉素废水的机制	曲有鹏, 吕江维, 董跃, 冯玉杰, 张杰 (2378)
缺氧/好氧交替连续流的生活污水好氧颗粒污泥运行及污染物去除机制	李冬, 杨敬畏, 李悦, 李帅, 张诗睿, 王文强, 张杰 (2385)
反硝化除磷污泥聚集体内原位除磷活性及有机物浓度的影响	吕永涛, 姜晓童, 徒彦, 王旭东, 潘永宝, 刘爽, 崔双科, 王磊 (2396)
基于臭氧旁路处理的污泥原位减量技术工艺	薛冰, 刘宾寒, 韦婷婷, 王先恺, 陈思思, 董滨 (2402)
活性炭对城市有机固废厌氧消化过程抗生素抗性基因行为特征的影响	马佳莹, 王盼亮, 汪冰寒, 苏应龙, 谢冰 (2413)
6 种农业废弃物初期碳源及溶解性有机物释放机制	凌宇, 闫国凯, 王海燕, 董伟羊, 王欢, 常洋, 李丛宇 (2422)
中国典型农田土壤有机碳密度的空间分异及影响因素	李成, 王让会, 李兆哲, 徐扬 (2432)
不同水分条件和微生物生物量水平下水稻土有机碳矿化及其影响因子特征	刘琪, 李宇虹, 李哲, 魏晓梦, 祝贞科, 吴金水, 葛体达 (2440)
青藏高原林地土壤的氮转化特征及其影响因素分析: 以祁连山和藏东南地区为例	何芳, 张丽梅, 申聪聪, 陈金全, 刘四义 (2449)
基于物元可拓模型的兰州市主城区公园表土重金属污染评价	胡梦琨, 李春艳, 李娜娜, 吉天琪, 郑登友 (2457)
长期施用化肥和有机肥对稻田土壤重金属及其有效性的影响	夏文建, 张丽芳, 刘增兵, 张文学, 蓝贤瑾, 刘秀梅, 刘佳, 刘光荣, 李祖章, 王萍 (2469)
川南山区土壤与农作物重金属特征及成因	韩伟, 王成文, 彭敏, 王乔林, 杨帆, 徐仁廷 (2480)
宁东能源化工基地核心区表层土壤中多环芳烃的空间分布特征、源解析及风险评价	杨帆, 罗红雪, 钟艳霞, 王幼奇, 白一茹 (2490)
重金属钝化剂阻控生菜 Cd 吸收的功能稳定性和适用性	庞发虎, 吴雪姣, 孔雪菲, 曾宪, 王晓宇, 陈兆进, 姚伦广, 韩辉 (2502)
典型污染稻田水分管理对水稻镉累积的影响	张雨婷, 田应兵, 黄道友, 张泉, 许超, 朱捍华, 朱奇宏 (2512)
油茶果壳改性生物炭吸附性能及其耦合淹水对土壤 Cd 形态影响	蔡彤, 杜辉辉, 刘孝利, 铁柏清, 杨宇 (2522)
土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响	徐飞, 张拓, 怀宝东, 隋文志, 杨雪 (2531)
渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落	程森, 路平, 冯启言 (2541)
3 种常用除草剂对细菌抗生素耐药性的影响	李曦, 廖汉鹏, 崔鹏, 白玉丹, 刘晨, 文畅, 周顺桂 (2550)
污水再生利用微生物控制标准及其制定方法探讨	陈卓, 崔琦, 曹可凡, 陆韻, 巫寅虎, 胡洪营 (2558)
《环境科学》征订启事 (2439)	
《环境科学》征稿简则 (2479)	
信息 (2152, 2231, 2286)	

合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落的高通量测序分析

姜少毅¹, 孙博文¹, 代海涛¹, 王润芳², 马大卫², 朱仁斌^{1*}

(1. 中国科学技术大学地球和空间科学学院, 极地环境研究室 & 极地环境与全球变化安徽省重点实验室, 合肥 230026; 2. 国网安徽省电力有限公司电力科学研究院, 合肥 230601)

摘要: 大气颗粒物的组分、来源和时空变化特征等方面已进行了广泛的研究, 但对占大气颗粒物 25% 的生物气溶胶中细菌和真菌等微生物群落的研究较少. 本文使用电感耦合等离子体质谱仪 (ICP-MS) 和离子色谱仪 (IC) 分别测定了大气颗粒物中痕量元素和水溶性离子的含量, 并结合高通量测序和荧光定量 PCR 分析了合肥市 7~9 月大气颗粒物 $PM_{1.0}$ 、 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 中微生物群落组成及其来源. 结果表明, 不同粒径下细菌群落多样性无显著差异 (ANOVA, $P > 0.05$), 雨天细菌和真菌群落多样性均高于晴天, 所有样品中细菌群落多样性均显著高于真菌群落多样性 (ANOVA, $P < 0.01$); 大气中细菌的优势菌门为变形菌门 (46.19%)、厚壁菌门 (33.42%), 拟杆菌门 (10.99%)、蓝藻门 (3.33%) 和放线菌门 (2.11%), 真菌的优势菌门为子囊菌门 (73.23%)、担子菌门 (5.78%)、被孢霉门 (3.41%) 和毛霉门 (0.10%); 通过分析潜在源环境的指示物种, 发现土壤、植物叶片和动物粪便是合肥市大气中细菌群落的主要来源, 真菌群落的主要来源是植物叶片和土壤; 细菌群落主要受 K、Pb、Al、Fe、Mg、Ca、 Na^+ 、 NO_2^- 和风速 (WS) 影响, 而真菌群落的主要影响因素是 V、Mn、Sr、 NO_2^- 、 NO_3^- 、 Na^+ 、 Cl^- 、空气质量指数 (AQI) 和 PM_{10} ; 此外, 在细菌和真菌群落分析中鉴定到了不动杆菌属、链球菌属、肠杆菌属、假单胞菌属、代夫特菌属、沙雷氏菌属、木霉属、链格孢属和曲霉属等 9 种致病菌, 它们可以导致人类和其它生物的多种疾病. 本文的研究结果有助于揭示大气微生物的各种特性及其影响因素, 以及对人类健康的影响, 对后续研究和政府相应政策的制定具有重要的参考价值.

关键词: 颗粒物; 高通量测序; 微生物群落; 致病菌; 合肥

中图分类号: X172; X513 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)05-2169-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202009012

High-Throughput Sequencing Analysis of Microbial Communities in Summertime Atmospheric Particulate Matter in Hefei City

JIANG Shao-yi¹, SUN Bo-wen¹, DAI Hai-tao¹, WANG Run-fang², MA Da-wei², ZHU Ren-bin^{1*}

(1. Institute of Polar Environment & Anhui Key Laboratory of Polar Environment and Global Change, School of Earth and Space Sciences, University of Science and Technology of China, Hefei 230026, China; 2. State Grid Anhui Electric Power Research Institute, Hefei 230601, China)

Abstract: The composition, physical and chemical properties, sources, and temporal and spatial changes in airborne particulate matter have been extensively investigated in previous studies. However, less is known about bioaerosols, which are mainly composed of bacteria and fungi and constitute up to 25% of the total airborne particulate matter. In this study, we used inductively coupled plasma mass spectrometry and ion chromatography to determine the concentrations of trace elements and water-soluble ions in atmospheric particulates, respectively. These analyses were combined with high-throughput sequencing methods and real-time quantitative polymerase chain reaction to analyze the microbial compositions in $PM_{1.0}$, $PM_{2.5}$, and PM_{10} samples, which were collected from July to September in Hefei City. The results showed that there were no significant differences in the bacterial community diversity across the three size fractions (analysis of variance (ANOVA), $P > 0.05$). The bacterial and fungal community diversities on sunny days were lower than those on rainy days, and the bacterial community diversity in all samples was significantly higher than the fungal community diversity (ANOVA, $P < 0.01$). The predominant bacterial phyla were Proteobacteria (46.19%), Firmicutes (33.42%), Bacteroidetes (10.99%), Cyanobacteria (3.33%), and Actinobacteria (2.11%). Ascomycota (73.23%), Basidiomycota (5.78%), Mortierellomycota (3.41%), and Mucoromycota (0.10%) were the dominant fungal phyla. Our results indicated that soils, plant leaves, and animal feces were the dominant sources of airborne bacterial communities in Hefei City, and the main sources of the fungal communities were plant leaves and soils. The bacterial community was mainly affected by K, Pb, Al, Fe, Mg, Ca, Na^+ , NO_2^- , and wind speed, and the main influencing factors of the fungal community were V, Mn, Sr, NO_2^- , NO_3^- , Na^+ , Cl^- , the air quality index, and PM_{10} . In addition, nine specific bacteria and fungi that are linked to human health risks were identified, including *Acinetobacter*, *Streptococcus*, *Enterobacter*, *Pseudomonas*, *Delfia*, *Serratia*, *Trichoderma*, *Alternaria*, and *Aspergillus*, which can lead to a wide range of diseases in humans and other organisms. The research results are helpful for revealing the various characteristics of airborne microbial communities, their influencing factors, and their impacts on human health, and are an important reference for subsequent research and the formulation of government policies.

Key words: particulate matter; high-throughput sequencing; microbial community; pathogen; Hefei

收稿日期: 2020-09-02; 修订日期: 2020-10-23

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41976220, 41776190); 中国科学院战略性先导科技专项 (XDB40010200)

作者简介: 姜少毅 (1996~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为大气生物气溶胶, E-mail: ustejsy@mail.ustc.edu.cn

* 通信作者, E-mail: zhurb@ustc.edu.cn

在过去 10 年,快速的经济增长伴随着巨大的能源消耗,加上大气环境保护措施的缺乏,导致中国出现了持续的雾-霾事件^[1,2],大气颗粒物排放增加是其主要成因^[3]. 学者们对大气颗粒物,尤其是 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 的组分、理化性质、来源途径和时空变化特征等方面进行了广泛地研究,但对占大气颗粒物 25% 的生物气溶胶(细菌、真菌、病毒和花粉)^[4] 研究较少. Bowers 等^[5] 的研究发现生物气溶胶主要成分为细菌和真菌,占比分别为 70% 和 21%. 空气中细菌和真菌可以直接作为病原体,或者作为诱导物引发各种呼吸道疾病和过敏症状^[6~8]. 2019 年末暴发的新冠病毒疫情至今肆虐全球, Morawska 等^[9] 的研究指出新冠病毒通过空气传播的风险或被低估,呼吁世界卫生组织(WHO)关注和重视新冠病毒通过空气传播的风险. 随着对大气颗粒物研究不断加强,附着在颗粒物上的大气微生物逐渐成为热门的研究对象,其研究主题不断拓展,范围已从探索其在大气中的存在和代谢活动到研究其潜在的致病性以及气候和人类健康的影响.

传统的大气微生物研究方法主要是基于培养^[10~12]或直接镜检法^[13]. 凌琪等^[14]使用自然沉降法在合肥市采集大气微生物样品,并进行培养基培养,发现细菌优势属为微球菌属、芽孢杆菌属、假单胞菌属和葡萄球菌属,真菌优势属为曲霉属、青霉属、毛霉属和根霉属,其中真菌占大气微生物总量的 6.92%. 由于只有很小一部分($<1\%$)大气细菌和真菌可以培养,且在培养基选择上存在困难,因此使用这些方法对大气微生物的表征非常有限^[12,13,15]. 随着基因测序技术的快速发展,第二代高通量测序为研究气溶胶微生物提供了新的视角^[16]. Bowers 等^[5]在美国科罗拉多州丹佛市和格里利市连续采集了 14 个月的 $PM_{2.5}$ 和 $PM_{2.5-10}$ 大气颗粒物样品,通过高通量测序分析了细菌和真菌的多样性,发现细菌是生物气溶胶的主要组成部分,其余是真菌和花粉. Du 等^[17]采用高通量测序方法分析了北京市不同季节不同空气污染水平下 $PM_{2.5}$ 的细菌和真菌群落组成,结果表明冬季细菌和真菌的物种丰富度最高,夏季最低,空气污染会降低 $PM_{2.5}$ 中细菌物种丰富度和群落多样性. Yu 等^[18]同样采用高通量测序技术对长沙市雾-霾天和非雾-霾天大气颗粒物的微生物群落结构进行了研究,结果表明大气微生物群落多样性随颗粒物浓度和 AQI 的增加而增加.

目前国内的相关研究主要集中在北京、济南等中东部城市^[17,18,19],合肥作为迅速发展的科技重镇,相关研究还未见报道. 此外,这些研究主要以分析 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 中细菌群落组成在雾-霾与非雾-霾期

间的差异性为主,但细菌和真菌群落在其它天气条件下以及不同粒径间的差异性研究则较为匮乏. 大气颗粒物中 $PM_{1.0}$ 可轻易穿透胸部和肺部的气道,对雾-霾的形成和能见度的降低起重要作用^[20]. 同时, $PM_{1.0}$ 比表面积大于 $PM_{2.5}$,意味着 $PM_{1.0}$ 具有更大的健康风险^[19]. 扩增子测序(包括细菌 16S rRNA 测序和真菌 ITS 测序)不仅价格低廉,结果易于分析,而且可以提供充分的细菌和真菌群落结构信息^[17~19].

因此,本文选择了合肥市作为研究地点,采集了大气颗粒物样品,对附着的大气微生物群落特征及其环境效应进行了分析研究. 采用高通量测序技术表征了合肥大气中 PM_{10} 、 $PM_{2.5}$ 和 $PM_{1.0}$ 这 3 种粒径中的细菌和真菌群落,探究了不同粒径下微生物群落结构差异,以及合肥市大气微生物的主要来源途径. 除此之外,测定了大气颗粒物样品中痕量元素和水溶性离子浓度,据此分析了大气微生物群落组成的主要影响因素. 本文还分析了合肥市大气微生物中的致病菌,有助于揭示大气微生物对人体健康的致病机制,对颗粒物监测的改进和政府相应政策的制定具有重要的参考价值.

1 材料与方法

1.1 样品采集

在 2019 年 7~9 月于国网安徽电力科学研究院楼顶($31^{\circ}50'09.8''N$, $117^{\circ}15'53.8''E$, 采样口距地面 21 m)采集了 $PM_{1.0}$ 、 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 样品. 采样点位于住宅区、商业区和大学校园之间,人口密集,没有典型较大颗粒物排放源影响. 使用小流量采样器(ZR-3930B, 青岛众瑞, $16 L \cdot min^{-1}$)收集 $PM_{1.0}$ 于 47 mm 石英滤膜上(Tissuquartz, Pall),同时使用两台中流量采样器(ZR-3922, 青岛众瑞, $100 L \cdot min^{-1}$)分别收集 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 于 90 mm 石英滤膜上. 每月连续采集 3 d 晴天样品,7 月额外连续采集 3 d 雨天样品,采样时间为 24 h(大致为上午 09:00 至次日 09:00),采样前后使用百万分之一高精度天平(Sartorius M2P)称量并记录每张滤膜的质量,采用称重法分析颗粒物浓度^[21]. 为了防止引入外源微生物污染,滤膜不进行恒温恒湿处理^[22]. 滤膜在采样前均使用马弗炉 500℃ 烘烤 5 h,其它实验器具在使用前均使用 75% 酒精消毒. 采集到的滤膜放入已消毒的滤膜保存盒内,置于 $-20^{\circ}C$ 冰箱保存^[17].

1.2 化学组分测定

考虑到同一采样点同一粒径在相似天气条件和短时间序列内,它的化学组分、细菌丰富度和群落组成具有高度相似性,为了降低数据集的复杂程度,对样品进行合并^[5,17]: 7 月雨天的 3 个样品按粒径分

别合并为 7Y1、7Y2 和 7Y3 (1、2 和 3 分别表示 PM_{1.0}、PM_{2.5}和 PM₁₀),同理 7~9 月晴天样品分别合并为 7F1、7F2、7F3、8F1、8F2、8F3、9F1、9F2 和 9F3,共计 12 个样品。

使用打孔器(直径 12 mm)从每张滤膜上打取两个样本,按照上述分组合并后分别进行水溶性离子与痕量金属元素测定.采用离子色谱仪(ICS-2100,Dionex)测定样品中的水溶性阳离子(NH₄⁺、K⁺、Na⁺、Ca²⁺和 Mg²⁺)和水溶性阴离子(SO₄²⁻、NO₃⁻、NO₂⁻、PO₄³⁻、Cl⁻和 Br⁻)浓度.采用电感耦合等离子体质谱仪 ICP-MS (NexION2000,PerkinElmer)测定样品中 As、Cd、Co、Cr、Cu、Fe、Mn、Ni、Pb 和 Zn 等多种痕量金属元素的含量.上述两个实验均按照仪器实验流程严格进行。

1.3 DNA 提取和 PCR 扩增

剩余样品经液氮冷冻后,在组织破碎仪中进行破碎,以使样品表面及内部的菌群能更好地与裂解液接触.之后使用 OMEGA E. Z. N. ATMMag-Bind Soil DNA Kit 试剂盒提取样品中的 DNA,具体步骤参照试剂盒使用说明书。

利用 Qubit3.0 DNA 检测试剂盒对基因组 DNA 精确定量,以确定 PCR 反应需要加入的 DNA 量.PCR 所用的引物已经融合了测序平台的通用引物(表 1).在两轮 PCR 扩增结束后,对 PCR 产物进行琼脂糖电泳检测.之后,分别选用 0.6 倍和 0.8 倍的磁珠处理细菌 PCR 产物和真菌 PCR 产物,纯化回收样品的 DNA.利用 Qubit3.0 DNA 检测试剂盒对回收的 DNA 精确定量.最后使用 MiSeq™ 平台(Illumina, San Diego, CA, USA)按照 1:1 的等量混合后,对细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 区和真菌 rRNA 基因的 ITS1-ITS2 区进行高通量测序。

表 1 PCR 扩增引物序列

Table 1 Primers used in PCR reaction		
项目	名称	序列
细菌	341F	CCTACGGGNGGCWGCAG
	805R	GACTACHVGGGTATCTAATCC
真菌	ITS1F	CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA
	ITS2R	GCTGCGTTCTTCATCGATGC

1.4 荧光定量 PCR 检测

本研究采用荧光定量 PCR 测定 3 种粒径颗粒物中 rRNA 基因的绝对含量,使用的引物同高通量测序(表 1).将 DNA 样品稀释 10 倍作为模板,荧光定量 PCR 反应混合物包含 5 μL SybrGreen qPCR Master Mix(B639271,BBI)定量 PCR 试剂,每个引物 0.2 μL,模板 DNA 1 μL,双蒸水 3.6 μL.反应程序为:95℃ 3 min; 95℃ 30 s,57℃ 30 s,72℃ 30 s,35

次循环; 72℃ 8 min.

qPCR 程序在 LightCycler® 480 II Real-Time PCR 系统(Roche, Rotkreuz, Switzerland)中进行: 95℃ 3 min; 95℃ 40 s,45 次循环; 60℃ 30 s,45 次循环.去离子水作为阴性对照,从样品中提取 DNA,将去离子水注入微板孔中.完成上述步骤后,把加好样品的孔板放在 LightCycler480 II 型荧光定量 PCR 仪(Roche, Rotkreuz, Switzerland)中进行扩增和检测。

1.5 测序分析

使用 QIIME2 2019.10^[23]进行微生物组生物学信息学分析.使用 q2-demux 插件对原始序列数据进行拆分并进行质量过滤,然后使用 DADA2 进行去噪^[24](via q2-dada2).将所有扩增子序列变体(ASVs)与 mafft 进行比对^[25](via q2-alignment),并用于构建 fasttree2 系统发育树^[26](via q2-phylogeny).使用 q2-diversity 计算 α 多样性指标和 β 多样性指标.使用 q2-feature-classifier^[27]classify-sklearn 训练 Greengenes 13_8 99% OTUs 参考序列^[28]的 Naive Bayes 分类器,之后与 ASVs 进行比对,完成物种信息注释.真菌样本序列经过拆分后,使用 PIPITS(version 2.7)软件^[29]进行后续处理过程。

1.6 数据分析

采样期间的合肥市气象数据(temperature、wind direction、wind speed、relative humidity、visibility、AQI、SO₂、NO₂、O₃和 CO)从国家气象科学数据中心网站获取(<http://data.cma.cn/article/getLeft/id/29172/type/15.html>).使用 R 包 vegan 计算微生物群落多样性指数(R version 4.0.2).使用 SPSS 25.0 软件中的方差分析(ANOVA)评估细菌群落多样性和真菌群落多样性的差异.使用 Canoco 5(version 5.02)软件中的冗余分析(redundancy analysis, RDA)来可视化细菌和真菌群落多样性与环境因子之间的关系,其余绘图使用 Origin 2020 软件.本文所测得的细菌 16s rRNA 序列和真菌 ITS 序列已存入 NCBI 数据库的 Sequence Read Archive(SRA)中, BioProject ID 分别为 PRJNA646403 和 PRJNA646388。

2 结果与讨论

2.1 合肥市大气颗粒物中细菌和真菌群落多样性特征

不同颗粒物样品中细菌和真菌物种丰富度及群落多样性的相关参数列于表 2 和表 3 中.去除不合格的基因序列后,分别获得了总计 240 863 和 764 894 条高质量的细菌 16S rRNA 基因和真菌 ITS 基因.细

菌和真菌的覆盖率 (coverage) 均为 1.00, 表明了实验数据的可靠性^[19]. 细菌的 OTUs/Chao1 达到 100% 饱和度, 真菌除 7Y1 (72%) 外, OTUs/Chao1 均高于 75% 饱和度, 说明测序足够充分^[30]. 对比 7 月的雨天样品和晴天样品, 发现无论是细菌还是真菌, 雨天样品的香农指数 (Shannon) 均高于晴天样品, 表明雨天细菌和真菌群落多样性高于晴天, 这可能是因为雨天对流不稳定, 会激发高浓度真菌羽流的释放^[31], 意味着真菌孢子、细菌和其它较小的生物

气溶胶可以沿上升流到达有利于远距离运输和扩散的高度^[5]. 有研究表明, 雨天后近地表大气总的生物气溶胶浓度 (大部分是细菌和真菌) 会增加^[32,33]. PM₁₀ 真菌样品的香农指数高于其它两种粒径, 说明 PM₁₀ 真菌群落多样性最高, 这可能归因于许多真菌孢子团块的空气动力学直径在 2.5 ~ 10 μm^[34]. 另外, 细菌群落的香农指数高于真菌, 表明细菌群落多样性显著高于真菌群落多样性 (ANOVA, $F = 23.36$, $P < 0.01$).

表 2 不同大气颗粒物样品中细菌群落物种丰富度和群落多样性指标比较

Table 2 Comparison of species richness and community diversity estimators of the bacterial communities in different atmospheric particulate matter samples

粒径	样品序号	$N_{sequences}$	OTUs	Shannon 指数	Chao 1 指数	覆盖率	基因拷贝数 /copies·m ⁻³
PM _{1.0}	7Y1	23066	88	4.95	88	1.00	3 154.80
	7F1	26816	84	4.16	84	1.00	3 131.51
	8F1	19197	111	5.50	111	1.00	3 559.19
	9F1	20112	75	5.00	75	1.00	2 987.15
PM _{2.5}	7Y2	15540	105	5.60	105	1.00	229.95
	7F2	19893	70	4.67	70	1.00	260.67
	8F2	15927	105	5.95	105	1.00	258.98
	9F2	21909	52	4.25	52	1.00	256.99
PM ₁₀	7Y3	16219	72	4.80	72	1.00	276.93
	7F3	24442	98	5.43	98	1.00	248.66
	8F3	17333	92	5.64	92	1.00	234.35
	9F3	20409	109	4.78	109	1.00	374.72

表 3 不同大气颗粒物样品中真菌群落物种丰富度和群落多样性指标比较

Table 3 Comparison of species richness and community diversity estimators of the fungal communities in different atmospheric particulate matter samples

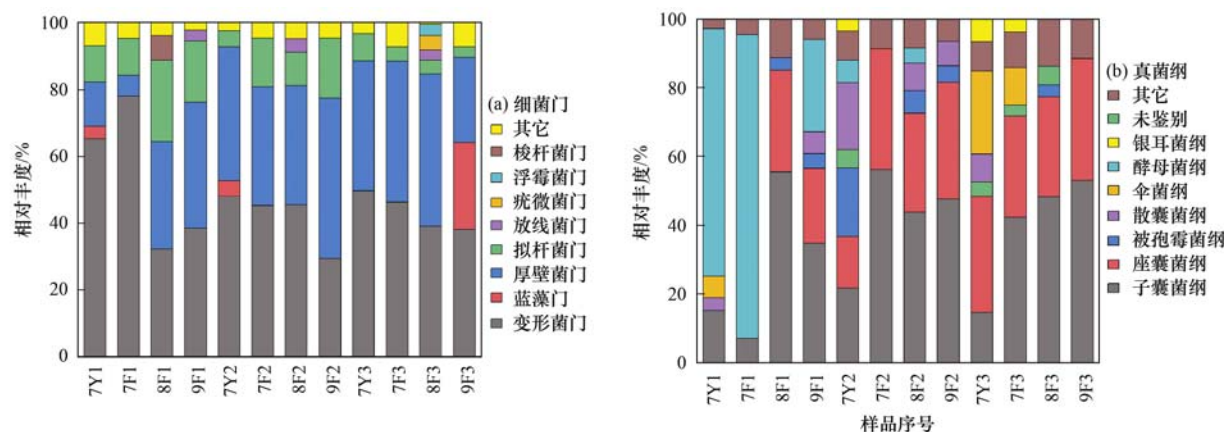
粒径	样品序号	$N_{sequences}$	OTUs	Shannon 指数	Chao 1 指数	覆盖率	基因拷贝数 /copies·m ⁻³
PM _{1.0}	7Y1	34180	36	1.80	50	1.00	595.95
	7F1	47899	17	0.88	17	1.00	3 350.67
	8F1	71076	87	2.89	87	1.00	696.24
	9F1	48596	142	3.21	144	1.00	8 942.66
PM _{2.5}	7Y2	68393	163	4.67	165	1.00	23.33
	7F2	74029	85	2.47	113	1.00	79.31
	8F2	62014	133	3.49	139	1.00	36.17
	9F2	87161	235	2.96	237	1.00	122.60
PM ₁₀	7Y3	65182	136	5.37	136	1.00	286.59
	7F3	70910	139	4.24	148	1.00	315.40
	8F3	67473	137	3.54	143	1.00	63.52
	9F3	67981	255	2.60	256	1.00	204.60

2.2 合肥市大气颗粒物中细菌和真菌群落的组成特征

在 12 个样品中共发现了 24 个细菌门 [图 1 (a)]. 在所有序列中, 变形菌门 (Proteobacteria) 是丰度占比最高的门类, 占 46.19%. 其次是厚壁菌门 (Firmicutes, 33.42%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes, 10.99%)、蓝藻门 (Cyanobacteria, 3.33%) 和放线菌门 (Actinobacteria, 2.11%). 其中, 变形菌门在细颗粒物 (PM_{1.0}) 中占比较高, 厚壁菌门多分布于粗颗粒

物 (PM_{2.5} 和 PM₁₀) 中, 放线菌门在 PM_{1.0} 和 PM_{2.5} 中占比高于 PM₁₀, 这可能是因为放线菌门的存在形式主要是孢子态, 其粒径较小, 更倾向于附着在较细颗粒物上; 而厚壁菌门在大气中多以细菌聚合物形式存在, 更易于附着在粗颗粒物上^[35].

在属水平上, 合肥大气微生物中优势细菌属为不动杆菌属 (*Acinetobacter*, 16.19%)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*, 13.21%)、沉积物杆状菌属 (*Sediminibacterium*, 4.98%)、慢生根瘤菌属



“其它”表示每个样品中相对丰度 <3% 的细菌和真菌,不能归入任何已知类别的序列被分配为“未鉴别”

图1 合肥市大气颗粒物中门层次细菌群落和纲层次真菌群落的组成

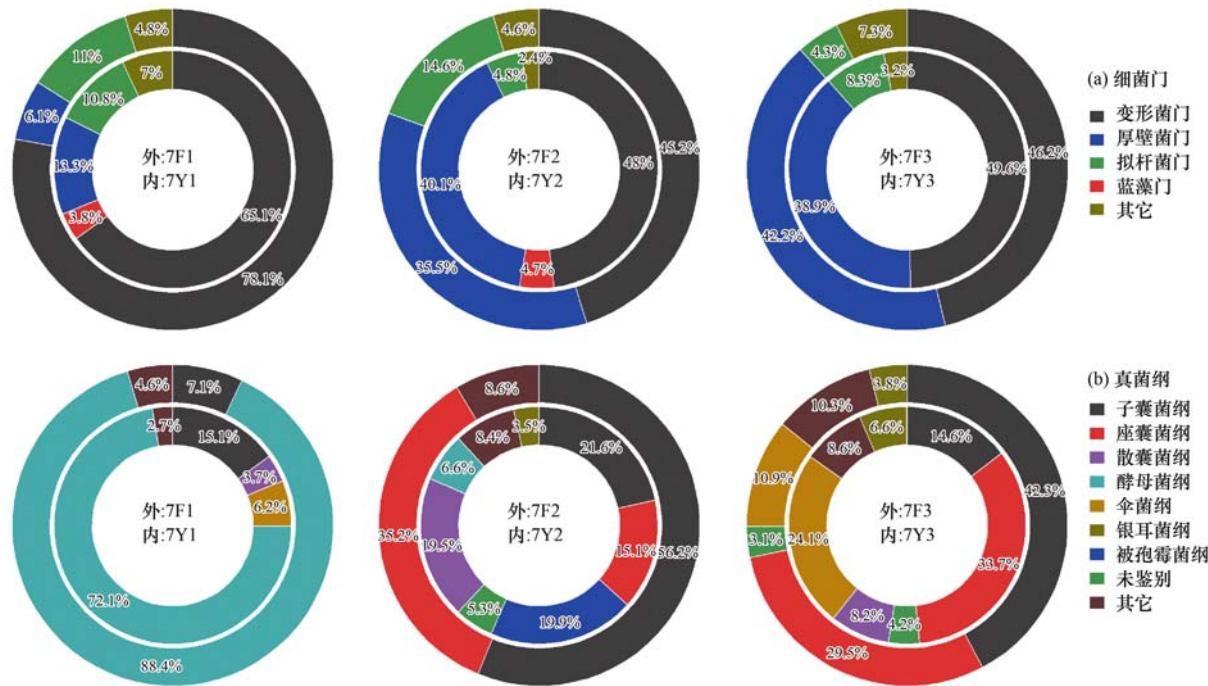
Fig. 1 Composition of the bacterial communities at the phylum level and fungal communities at the class level in atmospheric particulate matter in Hefei City

(*Bradyrhizobium*, 4.97%)、乳杆菌属(*Lactobacillus*, 2.90%)、拟杆菌属(*Bacteroides*, 2.77%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*, 2.26%)、伯克氏菌属(*Burkholderia*, 2.05%)、青枯菌属(*Ralstonia*, 2.04%)和葡萄球菌属(*Staphylococcus*, 1.96%)。

另外,在12个大气颗粒物样品中鉴定出了11个真菌门,主要真菌优势菌门为子囊菌门(Ascomycota, 73.23%)、担子菌门(Basidiomycota, 5.78%)、被孢霉菌门(Mortierellomycota, 3.41%)和毛霉门(Mucoromycota, 0.10%)。优势菌纲[图1(b)]为子囊菌纲(Sordariomycetes, 36.64%)、座囊菌纲(Dothideomycetes, 24.43%)、

酵母菌纲(Saccharomycetes, 17.23%)、散囊菌纲(Eurotiomycetes, 5.47%)、伞菌纲(Agaricomycetes, 4.14%)和被孢霉菌纲(Mortierellomycetes, 4.08%)。酵母菌纲集中分布于PM_{1.0}中,雨天样品的伞菌纲和被孢霉菌纲相对丰度高于晴天样品。真菌优势属为间座壳属(*Diaporthe*, 26.79%)、酵母菌属(*Saccharomyces*, 16.50%)、红曲霉属(*Monascus*, 3.78%)、被孢霉属(*Mortierella*, 3.64%)、绿核菌属(*Ustilaginoidea*, 1.80%)和*Cutaneotrichosporon*(1.14%)。

对比分析了7月雨天和晴天样品中细菌和真菌的群落组成(图2),结果表明:对于细菌,在雨天收



从左到右分别为PM_{1.0}、PM_{2.5}和PM₁₀这3种粒径,外圈=晴天样品,内圈=雨天样品

图2 合肥市7月大气颗粒物雨天和晴天样品中微生物群落组成对比

Fig. 2 Comparison of the microbial community composition in samples of atmospheric particulate matter between rainy and sunny days in July in Hefei City

集的细颗粒物(PM_{1.0}和PM_{2.5})中存在少量的蓝藻菌门,除此之外不同粒径下优势菌门组成基本不变,只在相对丰度上存在较小波动.对于真菌,雨天收集的PM_{1.0}中散囊菌纲和伞菌纲显著增高;雨天收集的PM_{2.5}中子囊菌纲和座囊菌纲相对丰度明显降低,同时被孢霉属纲、散囊菌纲、酵母菌纲和银耳菌纲的相对丰度大幅增高;雨天PM_{1.0}样品的子囊菌纲与晴天样品相比相对丰度较低,但散囊菌纲相对丰度较高,其它优势菌纲波动不大.可以看出,雨天颗粒物中细菌群落组成和真菌群落组成均比晴天丰富,这种影响对于真菌尤为明显,原因可能是细菌的粒径较小,在空气中沉降速率更低,其群落组成也相对更稳定;而真菌粒径较大,雨天的对流不稳定对真菌的影响更大.

将本文合肥市的研究结果与其它城市进行对比(表4),可以看出不同城市大气微生物,包括细菌和真菌,在优势菌门和优势菌纲的组成上类似,只是相

对丰度有所不同.这可能是因为这些菌门在细菌和真菌中占优势地位,它们能够在大气这种相较于土壤和水体而言资源匮乏的不利环境中生存,并容易气溶胶化附着在大气颗粒物上,所以在不同大气环境中普遍存在.但在优势菌属的组成上差异较大,造成这种差异的原因是相当复杂的. Bowers 等^[5]的研究发现美国科罗拉多州大气中细菌的群落组成和特定细菌类群的相对丰度表现出明显的季节性规律,而且城市与农村的大气微生物群落组成不同,部分原因是因为土地利用类型不同. Cao 等^[36]使用宏基因组方法分析了北京市严重雾-霾期间PM 污染物中的微生物组成,并且鉴定到了几种呼吸道微生物过敏原和病原体的序列,其相对丰度随颗粒物污染浓度的增加而增加.因此,这种相对丰度上的差异可能与不同城市的土地利用类型、人口分布和产业布局等因素相关,也可能与不同城市的气象条件和采样的季节相关,又或者受两者的综合影响.

表 4 不同城市大气微生物群落组成分布情况

Table 4 Composition of airborne microbial communities in different cities

城市	细菌		真菌		
	优势门	优势属	优势门	优势纲	优势属
合肥 (本研究)	变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、蓝藻门和放线菌门	不动杆菌属、芽孢杆菌属、沉积物杆状菌属、慢生根瘤菌属、乳杆菌属、拟杆菌属、假单胞菌属、伯克氏菌属、青枯菌属和葡萄球菌属	子囊菌门、担子菌门、被孢霉属和毛霉门	子囊菌纲、座囊菌纲、酵母菌纲、散囊菌纲、伞菌纲和被孢霉属纲	间座壳属、酵母菌属、红曲霉属、被孢霉属、绿核菌属和 <i>Cutaneotrichosporon</i>
北京 ^[17]	变形菌门、放线菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和蓝藻门	链霉菌属、库克菌属、副球菌属、鞘氨醇单胞菌属、 <i>Rubellimicrobium</i> 、动球菌属、芽孢杆菌属和梭菌属	子囊菌门、担子菌门、接合菌门和壶菌门	子囊菌纲、座囊菌纲和散囊菌纲	副球菌属、青霉菌属、壳月孢属、球腔菌属、枝孢属、曲霉属和帚枝霉属
济南 ^[19]	厚壁菌门、变形菌门、拟杆菌门和放线菌门	乳球菌属、芽孢杆菌属、假单胞菌属和嗜冷杆菌属	— ¹⁾	—	—
长沙 ^[18]	粗颗粒物	—	子囊菌门和担子菌门	—	<i>Peroneutypa</i> 、 <i>Polyporales</i> 、齿脉菌属、 <i>Phaeosphaeriaceae</i> 和 <i>Davidiellaceae</i>
	细颗粒物	—	子囊菌门和担子菌门	—	<i>Polyporales</i> 、曲霉属、裂褶菌属、 <i>Sporidiobolales</i> 和 <i>Davidiellaceae</i>
科罗拉多 ^[5]	变形菌门、厚壁菌门、放线菌门和拟杆菌门	—	子囊菌门和担子菌门	—	—

1) “—”表示未见报道

2.3 合肥市大气颗粒物中细菌和真菌的潜在来源与影响因素

Bowers 等^[5]通过将各种土壤类型、叶子表面、人和动物粪便中细菌的16S rRNA 序列数据源样本,以及收集到的所有空气样本合并到一个序列文件中,进行处理分析,为所有源样本构建了一个科水

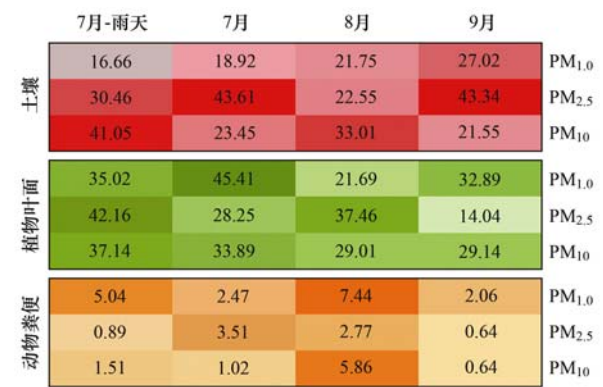
平上的相对丰度表,选择指标值>0.5 的细菌科作为潜在源环境的指示单元.图3 是根据 Bowers 等^[5]给出的指示单元,通过相加它们在每个大气样本中的相对丰度得出的热图,其中每种颜色的强度代表每个来源的相对影响.

由于来源跟踪方法的不确定性,不能保证每个

分类单元都能被分配到一个特定的来源(土壤、植物叶面、动物粪便或其它),这张热图显示的是已确定的来源对不同月份的不同相对贡献,而不是给定月份的不同来源.换句话说,数据应该读取为行,而不是列.结果表明,土壤(28.61%,同一起来源指示细菌相对丰度之和在不同粒径、不同月份的平均值,下同)、植物叶片(32.18%)和动物粪便(2.82%)是合肥大气中细菌群落的主要来源.粗颗粒($PM_{2.5}$ 和 PM_{10})主要受土壤来源影响,而细颗粒($PM_{1.0}$)主要受植物叶片来源影响.本研究结果与前人的研究成果相一致,Bowers等^[5]的研究发现美国科罗拉多州大气中细菌的主要来源是土壤和植物叶片,Cao等^[36]的研究发现北京市大气微生物基因组区别于其它环境,但与土壤相近,表明可吸入微生物大部分来源于土壤.除此之外,在动物粪便中,人和狗的粪便占比很小,主要为奶牛粪便.合肥市有多个养殖场位于采样点17 km以内,这可能是合肥市大气奶牛粪便细菌的来源.有研究表明,牛圈表面的粪便平均贡献了养殖场向外排放的总 PM_{10} 颗粒的78%^[37],这与本文中 PM_{10} 受奶牛粪便影响最大相符.

对于真菌,在目水平上鉴定到了格孢腔菌目(Pleosporales, 22.04%)、煤炱目(Capnoidiales, 2.07%)、座囊菌目(Dothideales, 0.18%)、散囊菌目(Eurotiales, 5.00%)和柔膜菌目(Helotiales, 0.53%).格孢腔菌目、煤炱目和座囊菌目多寄生于植物叶片,而散囊菌目和柔膜菌目则生活在土壤腐殖质中.这些真菌的存在表明合肥市大气中真菌的

主要来源是植物叶片和土壤.

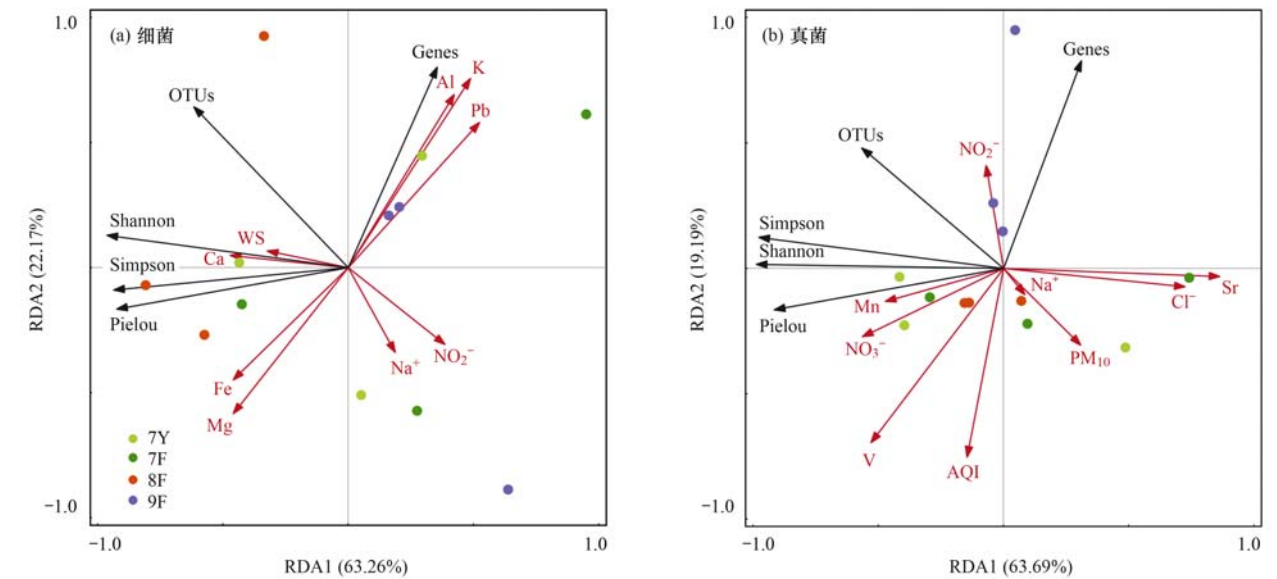


颜色代表3种主要来源,红色表示土壤,绿色表示植物叶面,橙色表示动物粪便;数字表示每个粒径每个月的总来源贡献

图3 作为潜在细菌来源的不同环境对合肥市大气样本的相对重要性

Fig. 3 Relative importance of different environments as potential sources of bacteria to the samples collected from Hefei City in the three size fractions

大气微生物群落能对大气环境因子的变化作出快速反应.采用Canoco5软件对细菌[图4(a)]和真菌[图4(b)]群落多样性与大气环境因子做冗余分析(redundancy analysis, RDA),分析前使用SPSS对原始数据进行Z-score标准化.细菌RDA图第一轴可解释63.26%的变异,第二轴可解释22.17%的变异,累计高达85.43%,真菌RDA图第一轴可解释63.69%的变异,第二轴可解释19.19%的变异,累计高达82.88%,因此均选用第一轴和第二轴进行可视化.经过蒙特卡洛置换检验,筛选出了对细菌和真



红色箭头表示环境因子,黑色箭头表示群落多样性指数

图4 合肥市大气颗粒物中细菌和真菌群落多样性与大气环境因子关系的冗余分析排序

Fig. 4 Triplot of the first two axes of the RDA for atmospheric environmental factors associated with the bacterial and fungal community diversity of airborne particulates in Hefei City

菌群落多样性解释率最高的几种环境因子,将其和香农指数(Shannon)、辛普森指数(Simpson)、OTUs、皮洛均匀度指数(Pielou)以及基因拷贝数(Genes)等拟合在排序图上。

结果显示,细菌与真菌对环境因子的响应有较大差别。AQI与真菌基因拷贝数和OTUs呈负相关,因为大气污染物会对真菌造成损伤,但与真菌皮洛均匀度和香农指数呈正相关,这可能是大气污染物对优势菌种的抑制作用更强,劣势菌种生存压力降低,从而间接提高了群落整体的均匀度和多样性。而AQI对细菌影响较小,在前向选择中被剔除,这可能是因为SO₂、NO₂和O₃等大气污染物对细菌没有直接影响,而是通过与其它环境因子相互作用从而间接影响细菌群落^[38]。Al、K和Sr分别与细菌和真菌的基因拷贝数呈正相关,这3种元素的主要来源是大陆地壳,印证了土壤是大气微生物的主要来源,但均与 α -多样性指数呈负相关,这可能是因为强风不利于气溶胶颗粒物的悬浮和滞留。Na⁺与细菌和真菌的基因拷贝数和 α -多样性指数均呈负相关,这是因为Na⁺会干扰微生物的结构和功能,导致微生物死亡^[49]。值得注意的是,细菌和真菌对NO₂⁻有截然不同的响应,这可能是因为亚硝酸盐可以被真菌分解利用,但却对细菌有毒性,会抑制细菌生长。

风速(WS)与细菌基因拷贝数呈负相关,但与 α -多样性指数呈正相关,因为强风会清除掉空气中的悬浮颗粒物,从而降低细菌浓度,但同时强风也会带来较远距离源的细菌,从而增加细菌群落的多样性和均匀度。Ca、Fe和Mg是细菌生长所需要的营养物质,因此与细菌 α -多样性指数呈正相关,但过多的营养物质会引起细菌群落中对营养物质的竞争,最终降低养分的有效性,导致整体细菌浓度下降。有趣的是Pb与细菌基因拷贝数呈正相关,该元素的主要来源是汽车尾气,说明交通活动或人类活动的增长,会提高大气中细菌的浓度,但同时会降低细菌的 α -多样性,具体机制有待进一步研究。

V、Mn和硝酸盐是真菌生长所需的微量元素和营养物质,其与真菌 α -多样性指数呈正相关,与基因拷贝数呈负相关,同样可能是营养物质增多引起的真菌群落对营养物质的内部竞争所致。Cl⁻多用于给水消毒的化学物质中,会造成真菌的应激损伤,因此与基因拷贝数和 α -多样性指数均呈负相关。值得注意的是,PM₁₀与真菌的基因拷贝数和 α -多样性指数均呈负相关,可能的解释是真菌在大气中主要以孢子形式存在,PM₁₀浓度增加,会导致真菌孢子更多地依附在PM₁₀颗粒上,这会加速真菌的沉降,同时PM₁₀上携带的化学物质也会抑制真菌的生长。

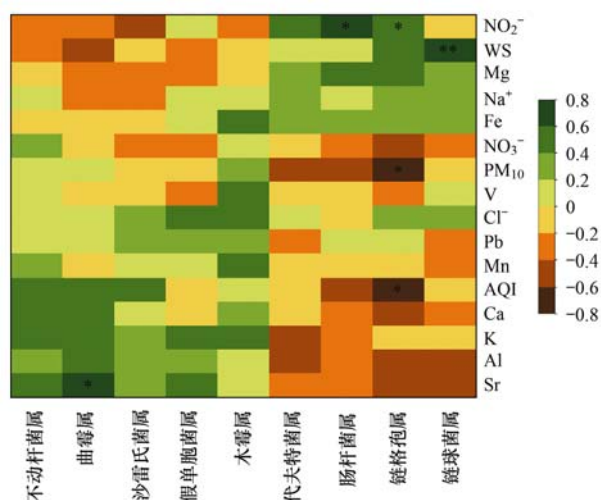
2.4 细菌与真菌中微生物致病菌

通过高通量测序获得的16S和ITS基因序列不足以进行物种级别分类,因此在属水平上对过敏原和病原体进行了鉴定。

在细菌中,鉴定到的致病菌共6种,分别为:不动杆菌属(*Acinetobacter*, 16.19%)、链球菌属(*Streptococcus*, 0.25%)、肠杆菌属(*Enterobacter*, 0.50%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*, 2.26%)以及少量的代夫特菌属(*Delftia*, 0.05%)和沙雷氏菌属(*Serratia*, 0.02%)。不动杆菌属是一种条件致病菌,可以引发肺部感染、呼吸机相关性肺炎和败血症^[39]。链球菌属可引发感染,常见症状是休克、菌血症和急性呼吸窘迫综合征,也可引发新生儿败血症和脑膜炎^[40,41]。肠杆菌属不是人类的主要病原体,但是跟大多数肠杆菌科一样,它们能够在住院或虚弱的患者中引起机会性感染和菌血症^[42,43]。假单胞菌属会引发乳制品的细菌性变质,同时对菊花、生菜、茄子和芹菜等经济作物具有致病性^[19]。代夫特菌属通常被认为是非致病菌,但可以引起抵抗力低下宿主的多种机会感染,是人类少见的机会致病菌^[44]。沙雷氏菌属是引起医院内感染的重要条件致病菌^[39]。

在真菌中,鉴定到了木霉属(*Trichoderma*, 0.17%)、链格孢属(*Alternaria*, 0.02%)和曲霉属(*Aspergillus*, 0.66%)这3种致病菌。木霉属代谢产生的单端孢霉烯毒素是某些农业商品和商业食品中不可避免的天然污染物,会抑制蛋白质合成和免疫调节作用^[45]。链格孢属是一种常见真菌,能在被其感染的植物、农产品和水果中产生多种霉菌毒素,如格链孢酚、交链孢酚单甲醚和致病型链格孢菌毒素,这些毒素可以成为食物污染物^[46]。曲霉属的一些菌种,如烟曲霉菌既是机会病原体,又是主要病原体和主要过敏源,它的分生孢子产量很高,会导致严重的哮喘和鼻窦炎^[47]。

为了研究关键环境因子对致病菌的影响,分析了样品中致病菌与环境因子之间的相关性(图5)。结果表明,不同细菌或真菌对环境因子有不同的响应。曲霉属与Sr呈显著正相关($P < 0.05$, Spearman, 下同),说明土壤是曲霉属的主要来源之一。肠杆菌属和链格孢属与NO₂⁻呈显著正相关($P < 0.05$),两者可能都分解利用亚硝酸盐;而链格孢属与AQI和PM₁₀呈显著负相关($P < 0.05$),说明链格孢属对大气污染物较敏感。链球菌属与风速呈显著负相关($P < 0.01$),表明合肥市大气中链球菌属的源距采样点可能较远。



** 表示 $P < 0.01$, * 表示 $P < 0.05$

图5 合肥市大气颗粒物中致病菌与关键环境参数的相关性

Fig. 5 Correlation between pathogens and key environmental factors in atmospheric particulate matter in Hefei City

3 结论

(1)不同粒径下细菌群落多样性无显著差异, PM₁₀样品中的真菌群落多样性高于其它两种粒径。雨天细菌和真菌群落多样性均高于晴天。所有样品细菌群落多样性均高于真菌群落多样性。

(2)合肥市大气中细菌优势菌门为变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、蓝藻门和放线菌门,真菌优势菌门为子囊菌门、担子菌门、被孢霉菌门和毛霉门。

(3)土壤、植物叶片和动物粪便是合肥市大气中细菌群落的主要来源,真菌群落的主要来源是植物叶片和土壤。

(4)细菌群落主要受 K、Pb、Al、Fe、Mg、Ca、Na⁺、NO₂⁻ 和 WS 影响,而真菌群落主要影响因素是 V、Mn、Sr、NO₂⁻、NO₃⁻、Na⁺、Cl⁻、AQI 和 PM₁₀。

(5)在细菌序列中鉴定到了不动杆菌属 (16.19%)、链球菌属 (0.25%)、肠杆菌属 (0.50%)、假单胞菌属 (2.26%)、代夫特菌属 (0.05%)、沙雷氏菌属 (0.02%) 共 6 种致病菌。在真菌序列中鉴定到了木霉属 (0.17%)、链格孢属 (0.02%)、曲霉属 (0.66%) 共 3 种致病菌。

参考文献:

- [1] Yang L, Han L Z, Chen Z L, *et al.* Growing trend of China's contribution to haze research [J]. *Scientometrics*, 2015, **105** (1): 525-535.
- [2] Li M N, Zhang L L. Haze in China: current and future challenges [J]. *Environmental Pollution*, 2014, **189**: 85-86.
- [3] Huang R J, Zhang Y L, Bozzetti C, *et al.* High secondary aerosol contribution to particulate pollution during haze events in China [J]. *Nature*, 2014, **514**(7521): 218-222.
- [4] Jaenicke R. Abundance of cellular material and proteins in the

atmosphere [J]. *Science*, 2005, **308** (5718), doi: 10.1126/science.1106335.

- [5] Bowers R M, Clements N, Emerson J B, *et al.* Seasonal variability in bacterial and fungal diversity of the near-surface atmosphere [J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, **47** (21): 12097-12106.
- [6] Jahne M A, Rogers S W, Holsen T M, *et al.* Emission and dispersion of bioaerosols from dairy manure application sites: human health risk assessment [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(16): 9842-9849.
- [7] Fung F, Hughson W G. Health effects of indoor fungal bioaerosol exposure [J]. *Applied Occupational and Environmental Hygiene*, 2003, **18**(7): 535-544.
- [8] Douwes J, Thorne P, Pearce N, *et al.* Bioaerosol health effects and exposure assessment: progress and prospects [J]. *Annals of Occupational Hygiene*, 2003, **47**(3): 187-200.
- [9] Morawska L, Milton D K. It is time to address airborne transmission of coronavirus disease 2019 (COVID-19) [J]. *Clinical Infectious Diseases*, 2020, **71**(9): 2311-2313.
- [10] Gao M, Jia R Z, Qiu T L, *et al.* Seasonal size distribution of airborne culturable bacteria and fungi and preliminary estimation of their deposition in human lungs during non-haze and haze days [J]. *Atmospheric Environment*, 2015, **118**: 203-210.
- [11] Lee T, Grinshpun S A, Martuzevicius D, *et al.* Relationship between indoor and outdoor bioaerosols collected with a button inhalable aerosol sampler in urban homes [J]. *Indoor Air*, 2006, **16**(1): 37-47.
- [12] Pace N R. A molecular view of microbial diversity and the biosphere [J]. *Science*, 1997, **276**(5313): 734-740.
- [13] Després V R, Huffman J A, Burrows S M, *et al.* Primary biological aerosol particles in the atmosphere: a review [J]. *Tellus B: Chemical and Physical Meteorology*, 2012, **64**(1), doi: 10.3402/tellusb.v64i0.15598.
- [14] 凌琪, 王晏平, 王莉, 等. 合肥城区空气微生物分布特征初步研究 [J]. *环境与健康杂志*, 2007, **24**(1): 40-42.
- [15] Ling Q, Wang Y P, Wang L, *et al.* Characteristics of outdoor air microbes pollution in Hefei City [J]. *Journal of Environment and Health*, 2007, **24**(1): 40-42.
- [16] Bovallius A, Bucht B, Roffey R, *et al.* Three-year investigation of the natural airborne bacterial flora at four localities in Sweden [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1978, **35**(5): 847-852.
- [17] Bowers R M, Lauber C L, Wiedinmyer C, *et al.* Characterization of airborne microbial communities at a high-elevation site and their potential to act as atmospheric ice nuclei [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(15): 5120-5130.
- [18] Du P R, Du R, Ren W S, *et al.* Seasonal variation characteristic of inhalable microbial communities in PM_{2.5} in Beijing city, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **610-611**: 308-315.
- [19] Yu R L, Wang S K, Wu X L, *et al.* Community structure variation associated with airborne particulate matter at central south of China during hazy and nonhazy days [J]. *Atmospheric Pollution Research*, 2020, **11**(6): 162-169.
- [20] Xu C H, Wei M, Chen J M, *et al.* Bacterial characterization in ambient submicron particles during severe haze episodes at Jinan, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **580**: 188-196.
- [21] Shi Y, Chen J M, Hu D W, *et al.* Airborne submicron particulate (PM₁) pollution in Shanghai, China: chemical variability, formation/dissociation of associated semi-volatile

- components and the impacts on visibility[J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **473-474**: 199-206.
- [21] 王润芳, 马大卫, 姜少毅, 等. 超低排放改造后燃煤电厂细颗粒物排放特征[J]. *环境科学*, 2020, **41**(1): 98-105.
Wang R F, Ma D W, Jiang S Y, *et al.* Fine particulate emission characteristics of an ultra-low emission coal-fired power plant [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(1): 98-105.
- [22] 王步英, 郎继东, 张丽娜, 等. 基于 16S rRNA 基因测序法分析北京霾污染过程中 PM_{2.5} 和 PM₁₀ 细菌群落特征[J]. *环境科学*, 2015, **36**(8): 2727-2734.
Wang B Y, Lang J D, Zhang L N, *et al.* Characterizing Beijing's airborne bacterial communities in PM_{2.5} and PM₁₀ samples during haze pollution episodes using 16S rRNA gene analysis method [J]. *Environmental Science*, 2015, **36**(8): 2727-2734.
- [23] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, *et al.* Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. *Nature Biotechnology*, 2019, **37**(8): 852-857.
- [24] Callahan B J, McMurdie P J, Rosen M J, *et al.* DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data [J]. *Nature Methods*, 2016, **13**(7): 581-583.
- [25] Katoh K, Misawa K, Kuma K I, *et al.* MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform[J]. *Nucleic Acids Research*, 2002, **30**(14): 3059-3066.
- [26] Price M N, Dehal P S, Arkin A P. FastTree 2-approximately maximum-likelihood trees for large alignments[J]. *PLoS One*, 2010, **5**(3), doi: 10.1371/journal.pone.0009490.
- [27] Bokulich N A, Kaehler B D, Rideout J R, *et al.* Optimizing taxonomic classification of marker-gene amplicon sequences with QIIME 2's q2-feature-classifier plugin[J]. *Microbiome*, 2018, **6**(1), doi: 10.1186/s40168-018-0470-z.
- [28] McDonald D, Price M N, Goodrich J, *et al.* An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(3): 610-618.
- [29] Gweon H S, Oliver A, Taylor J, *et al.* PIPITS: an automated pipeline for analyses of fungal internal transcribed spacer sequences from the Illumina sequencing platform[J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2015, **6**(8): 973-980.
- [30] Toti D S, Coyle F A, Miller J A. A structured inventory of appalachian grass bald and heath bald spider assemblages and a test of species richness estimator performance[J]. *The Journal of Arachnology*, 2000, **28**(3): 329-345.
- [31] Burch M, Levetin E. Effects of meteorological conditions on spore plumes[J]. *International Journal of Biometeorology*, 2002, **46**(3): 107-117.
- [32] Prenni A J, Tobo Y, Garcia E, *et al.* The impact of rain on ice nuclei populations at a forested site in Colorado[J]. *Geophysical Research Letters*, 2013, **40**(1): 227-231.
- [33] Huffman J A, Prenni A J, DeMott P J, *et al.* High concentrations of biological aerosol particles and ice nuclei during and after rain [J]. *Atmospheric Chemistry and Physics*, 2013, **13**(13): 6151-6164.
- [34] Lee S A, Liao C H. Size-selective assessment of agricultural workers'personal exposure to airborne fungi and fungal fragments [J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **466-467**: 725-732.
- [35] Franzetti A, Gandolfi I, Gaspari E, *et al.* Seasonal variability of bacteria in fine and coarse urban air particulate matter [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2011, **90**(2): 745-753.
- [36] Cao C, Jiang W J, Wang B Y, *et al.* Inhalable microorganisms in Beijing's PM_{2.5} and PM₁₀ pollutants during a severe smog event [J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, **48**(3): 1499-1507.
- [37] Huang Q, McConnell L L, Razote E, *et al.* Utilizing single particle Raman microscopy as a non-destructive method to identify sources of PM₁₀ from cattle feedlot operations [J]. *Atmospheric Environment*, 2013, **66**: 17-24.
- [38] Zhai Y B, Li X, Wang T F, *et al.* A review on airborne microorganisms in particulate matters: composition, characteristics and influence factors [J]. *Environment International*, 2018, **113**: 74-90.
- [39] 苟欢歌, 谢纯斌, 童延斌, 等. 石河子市春季大气颗粒物 TSP 和 PM₁₀ 中微生物群落特征[J]. *环境工程学报*, 2017, **11**(4): 2343-2349.
Gou H G, Xie C B, Tong Y B, *et al.* Assessment of microbial communities in TSP and PM₁₀ of Shihezi during spring [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2017, **11**(4): 2343-2349.
- [40] Lin F Y C, Weisman L E, Troendle J, *et al.* Prematurity is the major risk factor for late-onset group B streptococcus disease[J]. *The Journal of Infectious Diseases*, 2003, **188**(2): 267-271.
- [41] Stevens D L. Invasive group A streptococcus infections [J]. *Clinical Infectious Diseases*, 1992, **14**(1): 2-13.
- [42] Bodey G P, Elting L S, Rodriguez S. Bacteremia caused by *Enterobacter*: 15 years of experience in a cancer hospital [J]. *Reviews of Infectious Diseases*, 1991, **13**(4): 550-558.
- [43] Gaston M A. *Enterobacter*: an emerging nosocomial pathogen [J]. *Journal of Hospital Infection*, 1988, **11**(3): 197-208.
- [44] 李金钟, 刘利平. 代夫特菌属的研究进展[J]. *中国热带医学*, 2008, **8**(12): 2254-2255, 2262.
Li J Z, Liu L P. Advance of study in Delftia [J]. *China Tropical Medicine*, 2008, **8**(12): 2254-2255, 2262.
- [45] Sudakin D L. Trichothecenes in the environment: relevance to human health [J]. *Toxicology Letters*, 2003, **143**(2): 97-107.
- [46] Vaquera S, Patriarca A, Pinto V F. Influence of environmental parameters on mycotoxin production by *Alternaria arborescens* [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2016, **219**: 44-49.
- [47] Nierman W C, Pain A, Anderson M J, *et al.* Genomic sequence of the pathogenic and allergenic filamentous fungus *Aspergillus fumigatus* [J]. *Nature*, 2005, **438**(7071): 1151-1156.

CONTENTS

Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Atmospheric PM _{2.5} in Winter in Beijing	XU Nan, WANG Tian-tian, LI Xiao, <i>et al.</i> (2101)
Characteristics of Two Pollution Episodes Before and After City Heating in Beijing from February to March of 2019	YIN Xiao-mei, PU Wei-wei, WANG Ji-kang, <i>et al.</i> (2110)
Analysis of Characteristics and Causes of a Typical Haze Pollution in Beijing in the Winter of 2019	LIAN Han-yang, YANG Xin, ZHANG Pu, <i>et al.</i> (2121)
New Particle Formation Events in Summer and Winter in the Coastal Atmosphere in Qingdao, China	SUN Yue, ZHU Yu-jiao, MENG He, <i>et al.</i> (2133)
Characteristics of Heavy Metal Pollution and Ecological Risk Evaluation of Indoor Dust from Urban and Rural Areas in Taiyuan City During the Heating Season	HUANG Hao, XU Zi-qi, YAN Jun-xia, <i>et al.</i> (2143)
Concentration Analysis and Health Risk Assessment of Air Pollutants in Newly Decorated Public Places in Xi'an	FAN Jie, FAN Hao, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (2153)
Emission Concentration and Characteristics of Particulate Matter and Water-Soluble Ions in Exhaust Gas of Typical Combustion Sources with Ultra-Low Emission	HU Yue-qi, WANG Zheng, GUO Jian-hui, <i>et al.</i> (2159)
High-Throughput Sequencing Analysis of Microbial Communities in Summertime Atmospheric Particulate Matter in Hefei City	JIANG Shao-yi, SUN Bo-wen, DAI Hai-tao, <i>et al.</i> (2169)
Spatiotemporal Variations in Fine Particulate Matter and the Impact of Air Quality Control in Zhengzhou	DONG Zhe, YUAN Ming-hao, SU Fang-cheng, <i>et al.</i> (2179)
Characteristics of Ozone Pollution and Relationships with Meteorological Factors in Jiangxi Province	QIAN Yue, XU Bin, XIA Ling-jun, <i>et al.</i> (2190)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics of Aerosol Optical Properties in Urban Agglomerations on the North Slope of the Tianshan Mountains	ZHANG Zhe, DING Jian-li, WANG Jin-jie, <i>et al.</i> (2202)
Comprehensive Classification Method of Urban Water by Remote Sensing Based on High-Resolution Images	YANG Zi-qian, LIU Huai-qing, LÜ Heng, <i>et al.</i> (2213)
Construction and Application Optimization of the Chl-a Forecast Model ARIMA for Lake Taihu	LI Na, LI Yong, FENG Jia-cheng, <i>et al.</i> (2223)
Spatial Differences in Water Quality and Spatial Autocorrelation Analysis of Eutrophication in Songhua Lake	DING Yang, ZHAO Jin-yong, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2232)
Pollution and Irrigation Applicability of Surface Water from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	ZHU Dan-ni, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (2240)
Changes in Water Chemistry and Driving Factors in the Middle and Lower Reaches of the Beijing-Hangzhou Grand Canal	CHENG Zhong-hua, DENG Yi-xiang, ZHUO Xiao-ke, <i>et al.</i> (2251)
Effects of Different Land Use Practices on Nitrogen Loss from Runoff During Rainfall Events	LUO Yi-feng, CHEN Fang-xin, ZHOU Hao, <i>et al.</i> (2260)
Sources and Fate of Nitrate in Groundwater in a Typical Karst Basin: Insights from Carbon, Nitrogen, and Oxygen Isotopes	REN Kun, PAN Xiao-dong, LIANG Jia-peng, <i>et al.</i> (2268)
Changes in the Bacterioplankton Community Between "Ice" and "Water" in the Frozen Dali Lake	LI Wen-bao, YANG Xu, TIAN Ya-nan, <i>et al.</i> (2276)
Analysis of the Spatial Changes in Bacterial Communities in Urban Reclaimed Water Channel Sediments; A Case Study of the North Canal River	QIU Ying, JIN Yan, SU Zhen-hua, <i>et al.</i> (2287)
Spatial Differences and Influencing Factors of Denitrification and ANAMMOX Rates in Spring and Summer in Lake Taihu	ZHAO Feng, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (2296)
Structural Characteristics of Zooplankton and Phytoplankton Communities and Its Relationship with Environmental Factors in a Typical Tributary Reservoir in the Three Gorges Reservoir Region	CHEN Sha, XIE Qing, FU Mei, <i>et al.</i> (2303)
Application of Iron and Sulfate-Modified Biochar in Phosphorus Removal from Water	SANG Qian-qian, WANG Fang-jun, ZHAO Yuan-tian, <i>et al.</i> (2313)
Analysis of the Performance and Mechanism of Phosphorus Removal in Water by Steel Slag	LUO Xiao, ZHANG Jun-bo, HE Lei, <i>et al.</i> (2324)
Adsorption of BS-18 Amphoterically Modified Bentonite to Tetracycline and Norfloxacin Combined Pollutants	WANG Xin-xin, MENG Zhao-fu, LIU Xin, <i>et al.</i> (2334)
Preparation of Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ Composite Photocatalysts and Their Visible Light Photocatalytic Performance	GAO Chuang-chuang, LIU Hai-cheng, MENG Wu-shuang, <i>et al.</i> (2343)
Activation of Permonosulfate by Rhodamine B for BPA Degradation Under Visible Light Irradiation	ZHANG Yi-chen, BAI Xue, SHI Juan, <i>et al.</i> (2353)
Fe-Ti Co-Doped Alumina-Induced Surface Dual Reaction Center for Catalytic Ozonation to Remove Pollutants from Water	ZHANG Fan, SONG Yang, HU Chun, <i>et al.</i> (2360)
Preparation of Sulfidated Copper-Iron Bimetallic Compositd Material and Its Mechanism for Chromium Removal	QU Min, WANG Yuan, CHEN Hui-xia, <i>et al.</i> (2370)
Mechanisms of Penicillin Wastewater Treatment by Coupled Electrocatalytic and Bioelectrochemical Systems	QU You-peng, LÜ Jiang-wei, DONG Yue, <i>et al.</i> (2378)
Aerobic Granular Sludge Operation and Nutrient Removal Mechanism from Domestic Sewage in an Anaerobic/Aerobic Alternating Continuous Flow System	LI Dong, YANG Jing-wei, LI Yue, <i>et al.</i> (2385)
In-situ Phosphorus Removal Activity and Impact of the Organic Matter Concentration on Denitrifying Phosphorus Removal in Sludge Aggregates	LÜ Yong-tao, JIANG Xiao-tong, TU Yan, <i>et al.</i> (2396)
In-situ Sludge Reduction Technology Based on Ozonation	XUE Bing, LIU Bin-han, WEI Ting-ting, <i>et al.</i> (2402)
Effects of Activated Carbon on the Fate of Antibiotic Resistance Genes During Anaerobic Digestion of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste	MA Jia-ying, WANG Pan-liang, WANG Bing-han, <i>et al.</i> (2413)
Release Mechanisms of Carbon Source and Dissolved Organic Matter of Six Agricultural Wastes in the Initial Stage	LING Yu, YAN Guo-kai, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2422)
Spatial Differentiation of Soil Organic Carbon Density and Influencing Factors in Typical Croplands of China	LI Cheng, WANG Rang-hui, LI Zhao-zhe, <i>et al.</i> (2432)
Characteristics of Paddy Soil Organic Carbon Mineralization and Influencing Factors Under Different Water Conditions and Microbial Biomass Levels	LIU Qi, LI Yu-hong, LI Zhe, <i>et al.</i> (2440)
Analysis of Nitrogen Transformation Characteristics and Influencing Factors of Forestland Soil in the Qinghai-Tibet Plateau; A Case Study of the Qilian Mountains and Southeast Tibet	HE Fang, ZHANG Li-mei, SHEN Cong-cong, <i>et al.</i> (2449)
Using the Matter-Element Extension Model to Assess Heavy Metal Pollution in Topsoil in Parks in the Main District Park of Lanzhou City	HU Meng-jun, LI Chun-yan, LI Na-na, <i>et al.</i> (2457)
Effects of Long-Term Application of Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers on Heavy Metals and Their Availability in Reddish Paddy Soil	XIA Wen-jian, ZHANG Li-fang, LIU Zeng-bing, <i>et al.</i> (2469)
Characteristics and Origins of Heavy Metals in Soil and Crops in Mountain Area of Southern Sichuan	HAN Wei, WANG Cheng-wen, PNEG Min, <i>et al.</i> (2480)
Spatial Distribution Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Topsoil PAHs in the Core Area of the Ningdong Energy and Chemical Industry Base	YANG Fan, LUO Hong-xue, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (2490)
Functional Stability and Applicability of Heavy Metal Passivators in Reducing Cd Uptake by Lettuce	PANG Fa-hu, WU Xue-jiao, KONG Xue-fei, <i>et al.</i> (2502)
Effects of Water Management on Cadmium Accumulation by Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) Growing in Typical Paddy Soil	ZHANG Yu-ting, TIAN Ying-bing, HUANG Dao-you, <i>et al.</i> (2512)
Adsorption Properties of Oiltea Camellia Shell-Modified Biochar and Effects of Coupled Waterlogging on Soil Cd Morphology	CAI Tong, DU Hui-hui, LIU Xiao-li, <i>et al.</i> (2522)
Effects of Land Use Changes on Soil Fungal Community Structure and Function in the Riparian Wetland Along the Downstream of the Songhua River	XU Fei, ZHANG Tuo, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (2531)
Distribution of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in a Fishery Reclamation Mining Subsidence Area	CHENG Sen, LU Ping, FENG Qi-yan (2541)
Effects of Three Commonly Used Herbicides on Bacterial Antibiotic Resistance	LI Xi, LIAO Han-peng, CUI Peng, <i>et al.</i> (2550)
Discussion of Microbial Control Standards of Water Reclamation and Formulation Methods	CHEN Zhuo, CUI Qi, CAO Ke-fan, <i>et al.</i> (2558)