

中国严寒地区细颗粒物细菌群落特征研究

周雨薇¹, 吕 阳^{1*}, 陈 茜¹, 王海峰¹, 陈 滨¹, 刘 涛², 何 欣², 张 雷³ (1.大连理工大学土木学院, 辽宁 大连 116024; 2.大连理工大学环境学院, 辽宁 大连 116024; 3.东北石油大学地球科学学院, 黑龙江 大庆 163318)

摘要: 通过对中国严寒地区典型城市大庆市供暖季 3 类建筑(办公室、教室、住宅)室内外共计 110 个测点长期监测, 分析大庆市供暖季室内外细颗粒物关联性, 并基于 16S rDNA 基因测序技术和 BLAST 源解析技术研究大庆市供暖季 3 类建筑室内外细颗粒物上细菌的组分及来源。研究结果表明: 大庆市供暖季室内外 PM_{2.5} 平均质量浓度分别为(32±22)和(45±34)μg/m³。其中办公室的平均渗透系数处于较低的状态(0.2886), 教室的渗透系数处于较高的状态(0.5702), 农村住宅(0.6513)比城市住宅的渗透系数略大(0.6057)。不同类型建筑室内细颗粒物中的细菌组分存在一定差异, 室外细颗粒物中的细菌组分根据采样地点也存在不同, 但整体上厚壁菌门(*Firmicutes*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)是大庆市供暖季细颗粒物中的优势菌群。3 类建筑室内外细颗粒物细菌来源主要为土壤、水体、人体、腐败有机物和粪便, 但不同建筑类型及采样区域的细菌来源比例具有一定差异性。室内较室外人体来源所占比重较大, 而室外较室内土壤来源比重大。

关键词: 中国严寒地区; 大庆市; 细颗粒物; 细菌; 来源

中图分类号: X513 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2019)09-3616-08

Characteristics of bacterial communities in fine particulate matter of severe cold region, China. ZHOU Yu-wei¹, LV Yang^{1*}, CHEN Xi¹, WANG Hai-feng¹, CHEN Bin¹, LIU Tao², HE Xin², ZHANG Lei³ (1.School of Civil Engineering, Dalian University of Technology, Dalian 116024, China; 2.School of Environment, Dalian University of Technology, Dalian 116024, China; 3.School of Geoscience, Northeast Petroleum University, Daqing 163318, China). *China Environmental Science*, 2019,39(9): 3616~3623

Abstract: Through the long-term monitoring of indoor and outdoor fine particles of 3 building types (office, classroom and residence) for 110 samples in heating season of Daqing, a typical city in cold region of China, it analyzed the relationship between indoor and outdoor fine particles during heating season. Using 16S rDNA gene analysis method and BLAST source apportionment, the components and sources of bacterial communities in fine particles of 3 building types indoors and outdoors were studied. The results showed that average mass concentrations of indoor and outdoor PM_{2.5} in Daqing were (32±22) and (45±34)μg/m³, respectively during heating season. The average permeability coefficient of office was lower (0.2886), classroom was higher (0.5702), and rural residence (0.6513) was larger than urban residence (0.6057) slightly. Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes and Oxyphotobacteria were the dominant bacterial phyla in fine particulate matter of Daqing during heating season on the whole. The sources for 3 building types of bacteria in fine particulate matter indoors and outdoors were mainly soil, water, human, corrupt organic and faeces, while different building types and sampling sites led to different source proportions of bacteria.

Key words: severe cold region of China; Daqing; fine particulate matter; bacteria; source and components

近年来,东北地区作为中国老工业基地,雾霾天气和区域空气重度污染事件频发。室内外空气中的颗粒物通过人体的呼吸作用进入呼吸道,特别是细颗粒物(PM_{2.5}),由于粒径小且表面积大,吸附能力更强,富含更多的致病性物质,能突破口罩,深入呼吸系统内部,甚至渗透进入血液^[1]。越来越多的流行病学表明人体发病率以及死亡率与细颗粒物的质量浓度存在正相关性^[2]。虽然人类生命的绝大多数时间是在室内环境中度过的,但室外环境中的污染物可通过多种途径进入到室内,如自然通风、机械通风和渗风等,这就导致室内外环境中的颗粒物浓度存在着显著的关联性,有研究显示室内环境中来源于室

外环境的 PM_{2.5} 占 30%~75%^[3-6]。颗粒物的表面不仅富集了重金属、有机物、无机物,而且还是细菌、真菌和病毒等微生物存活的载体^[7]。微生物气溶胶不但会引发 SARS、H1N1 流感等大规模传播,而且它所导致的下呼吸道感染是人类健康的第三大杀手。同时室外颗粒物污染对不同性别人群会产生不同的健康效应^[8]。细颗粒物上细菌的含量占据细颗粒物上微生物总含量的 86.1%^[9]。且不同来源的微生物

收稿日期: 2019-02-11

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(91743102,51578103,51308088); 国家环保公益专项(201509063); 中央高校基本科研业务费资助项目(DUT18JC21)

* 责任作者, 副教授, lvyang@dlut.edu.cn

种类、排放浓度以及毒性都不同^[10]。2014 年朱昕等人^[11]利用宏基因组学分析技术鉴别大气悬浮颗粒物中的微生物成分,发现其中大部分为非致病性微生物,并且很多来自于土壤,但也含有极少量可能致病或致过敏微生物的 DNA 序列。2015 年王步英等人^[12]利用 16s RNA 基因测序与宏基因组对比北京雾霾天分析发现,尽管采样时间和采样地点有较大差异,大气中普遍会存在一些相同的细菌种类,而 PM_{2.5} 和 PM₁₀ 中细菌群落结构特征呈现出相似的规律。2016 年苟欢歌等人^[13]利用 16s rDNA 基因测序技术研究了乌鲁木齐市冬季 PM₁₀ 和 PM₁ 污染物中细菌的群落结构与其潜在的来源环境,并表明室外空气微生物的主要来源为土壤、动物排泄物和淡水等。2013 年, Bertolini 等人^[14]对意大利北部城市空气中细菌群落结构进行了分析,发现空气微生物主要由放线菌目、鞘菌目和少量变形菌目构成,且空气细菌菌落的时空变化与环境因素有关。受地理位置、气候分布和建筑类型等因素的影响,中国东北地区不同建筑室内外环境中细颗粒物的关联性与其他地区相比存在较大不同,并且目前关于细颗粒物组分来源的研究主要集中在化学污染方面,而对细颗粒物中微生物污染研究相对较少^[15-17]。

本研究通过对中国严寒地区典型城市大庆市进行长达 4 个月(2016 年 11 月至 2017 年 3 月)的供暖季监测,分析 3 类建筑(办公室、教室、住宅)共计 110 个测点,讨论大庆市供暖季 3 类建筑室内外细颗粒物的关联性,并利用 16S rDNA 基因测序技术和 BLAST 源解析技术对附着在细颗粒物上的细菌群落进行组分及来源研究。

1 材料与方法

1.1 实测对象和采样点选取

考虑到人群活动集中程度、人群的年龄差异、停留时间以及不同功能的建筑差异等因素,本文选择 3 类建筑类型作为实测对象,即:办公室、教室和住宅(分为城市住宅和农村住宅)。由于每种建筑类型实测结果具有一定的差异性,为了获得具有代表性的数据和统计学意义的样本量数据,本研究样本量的计算主要根据样本量统计学公式:

$$N = (Z_{\alpha} CV)^2 / \delta^2 \quad (1)$$

式中: $\alpha=0.05$,对应的 Z_{α} 为 1.96; δ 为相对误差,为保

证数据的精度,取 0.2; CV 为变异系数,主要参考前人开展室内颗粒物监测结果的变异性来确定,如根据赖森潮等人^[18]对广州市部分居室空气中 PM_{2.5} 污染特征检测的结果,居民室内的 PM_{2.5} 24h 平均浓度为 47.4 $\mu\text{g}/\text{m}^3$,标准差为 17.7 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ 。则公式中 $CV = 17.7/47.4 = 0.37$ 。可求得实测样本量 $N=13$,但考虑到还需要对样本数据进行概率统计分析,本研究初步确定研究区域办公建筑、教学楼每种类型监测样本数量不少于 30 个,住宅监测样本量不少于 50 个。

本实测点覆盖大庆市 5 个区(大同区、萨尔图区、龙凤区、让胡区及红岗区),共计选取 110 个采样点。其中教室样本 30 个,办公室样本 30 个,住宅样本 50 个(其中城市住宅样本为 38 个,农村住宅样本 12 个)。采样点分布范围如图 1 所示(红框内区域为采样范围,星号表示每个区的气象监测站位置)。研究于 2016 年 11 月 1 日至 2017 年 3 月 31 日,即大庆市供暖季进行了集中采样。所选取的 3 类典型建筑均在 20 世纪 90 年代建成,建筑墙体为砖墙,外墙平滑无裂纹,窗户均为双玻塑钢窗,其中城市住宅阳台外墙均装有保温苯板。供暖方式为热力站集中供热,室内供暖系统均采用上供下回垂直单管系统,室内散热器为圆形翅片结构。大庆市供暖季室外采样温度为 $(-29 \pm 3)^{\circ}\text{C}$,相对湿度维持在 50%至 60%;室内采样温度为 $(26 \pm 1)^{\circ}\text{C}$,相对湿度维持在 40%至 70%。

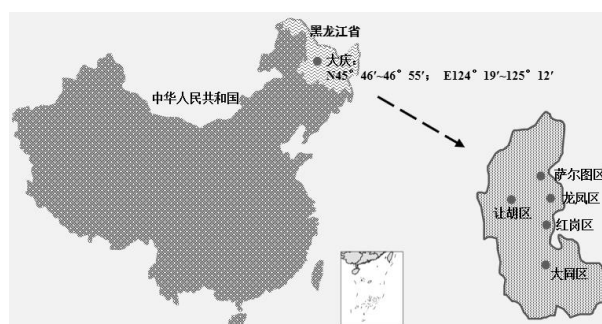


图 1 大庆市各区域采样情况分布

Fig.1 Distribution of samples in Daqing

1.2 数据的采集及测点方案

1.2.1 数据的采集 室内外颗粒物浓度的收集采用 QT50 颗粒物检测仪,内置有数据存储模块和 WIFI 模块,在联网情况下可将实时数据上传至云端服务器。测量内容主要包括:温度、相对湿度、PM_{2.5} 的质量和数量浓度,其中 PM_{2.5} 的质量浓度测量范围

为 0 至 900 $\mu\text{g}/\text{m}^3$,仪器分辨率为 1 $\mu\text{g}/\text{m}^3$,测量误差(单机波动性) $\leq \pm 10\%$.本研究将在线监测仪的检测间隔设定为 15min,每次设备启动均采集 5min 的数据.颗粒物检测仪在使用前进行了多机平行比对,即在相同的室内环境中将 QT50 与 TSI8530 进行了 20h 以上的同步检测,根据 TSI8530 测量的结果对 QT50 空气颗粒物检测仪的测量结果进行修正,如图 2 所示.

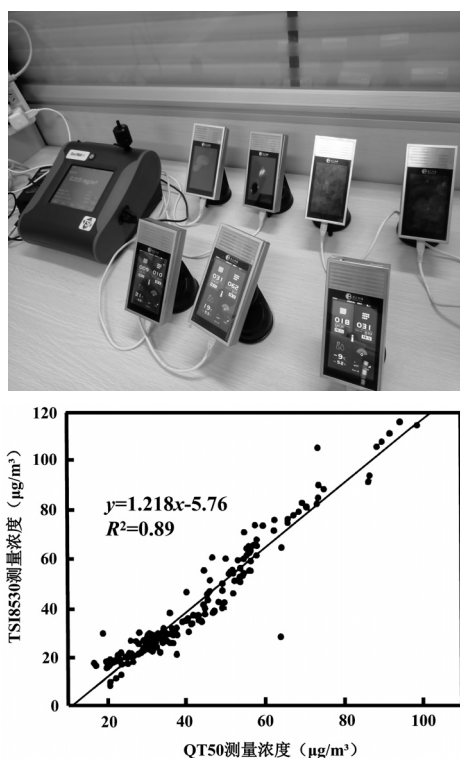


图2 仪器的校准及检测结果对比

Fig.2 The calibration of instruments and comparison of test results

室外气象参数的收集采用当地气象站发布的实时数据,包括室外温湿度、大气压、风速风向等参数.大庆市共有 5 个气象监测站,分别分布于大同区、萨尔图区、龙凤区、让胡路区及红岗区,根据实测地点就近选择对应的气象站数据.

1.2.2 测点的布置 采样点布置按照国家标准《室内空气质量标准》(GB/T18883-2002)规定,室内外各布置一个测点,室外点尽量布设在与室外环境直接接触的窗台处,实验设备及仪器还应避免阳光直射.室内点统一布设在住宅客厅位置,离墙 0.5m 以上,高于地面 0.5m.

1.3 样品采集及细菌测序数据处理

首先利用膜采样法对室内外的颗粒物进行采

样,采样仪器为室内外各一台 Omni5000IS 大流量空气采样器加装 PM_{2.5} 切割头,流量取 1.13m³/min,采样时间为 24h,并记录了滤膜采样前后的重量变化;所采用的滤膜为特氟龙滤膜(直径 37mm;孔径 2.0 μm , Whatman, England),在使用前放在 500 $^{\circ}\text{C}$ 马弗炉进行灼烧 5h.同时对托盘镊子和切割头等实验用具均进行了 75%酒精消毒以防微生物污染对实验结果的干扰.选取不连续的室内外办公室样本 6 个,教室样本 6 个,住宅样本 12 个(其中城市和农村住宅样本各 6 个).在进行测序之前,采集样品后的滤膜放置于 -80 $^{\circ}\text{C}$ 冰箱保存.本研究采用 CTAB 法对样本基因组 DNA 进行提取,之后利用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 纯度和浓度,取适量样品于离心管中,使用无菌水稀释样品至 1ng/ μL .以稀释后的基因组 DNA 为模板,根据测序区域的选择,使用带 Barcode 的特异引物,New England Biolabs 公司的 Phusion[®] High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer 和高效高保真酶进行 PCR 扩增;对样本细菌的 16S V4 区引物(515F 和 806R)进行扩增,PCR 产物则使用 2%浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测;根据 PCR 产物浓度进行等量混样,充分混匀后使用 1 $\times$ TAE 浓度 2%的琼脂糖胶电泳纯化 PCR 产物,剪切回收目标条带.使用 Thermofisher 公司的 Ion Plus Fragment Library Kit 48rxns 文库试剂盒进行文库的构建,构建好的文库经过 Qubit 定量和文库检测合格后,使用 Thermofisher 的 Life Ion S5TM 或 Ion S5TMXL 进行上机测序;使用 Cutadapt(V1.9.1)^[19]先对 reads 进行低质量部分剪切,再根据 Barcode 从得到的 reads 中拆分出各样品数据,截去 Barcode 和引物序列初步质控得到原始数据,经以上处理后得到的 Reads 需要去除嵌合体序列,Reads 序列通过 UCHIME Algorithm^[20]与数据库 Gold database 进行比对检测嵌合体序列,并最终去除其中的嵌合体序列^[21],得到最终的有效数据;利用 Uparse 软件(Uparse v7.0.1001)^[22]对所有样品的全部有效数据进行聚类,默认以 97%的一致性将序列聚类成为 OTUs,同时会选取其中出现频数最高的作为代表序列.对 OTUs 代表序列进行物种注释,用 Mothur 方法与 SILVA^[23]的 SSUrRNA 数据库^[24]进行物种注释分析(设定阈值为 0.8~1),获得分类学信息.使用 MUSCLE^[25](Version 3.8.31)软件进行快速多序列比对,得到所有

OTUs 代表序列的系统发生关系;最后对各样品的数据进行均一化处理。

2 结果与讨论

2.1 室内外细颗粒物浓度关联性分析

本文采用细颗粒物平均质量浓度和平均渗透系数 2 个指标来表示供暖季室内外细颗粒物浓度关联性。其中渗透系数(F_{inf})表征了平衡状态下室外环境中颗粒物进入并且悬浮在室内空气的比例,公式如下所示^[26]:

$$C_{in} = F_{inf} C_{out} + C_s \quad (2)$$

式中: C_{in} 为室内颗粒物浓度, $\mu\text{g}/\text{m}^3$; C_{out} 为室外颗粒物浓度, $\mu\text{g}/\text{m}^3$; C_s 为室内颗粒源浓度, $\mu\text{g}/\text{m}^3$ 。

通过对室内外环境中颗粒物浓度的线性回归即可计算出室内外颗粒物之间的平均渗透系数,即:

$$\bar{F}_{inf} = \frac{\sum_{n=1}^N F_{inf,n}}{N} = \frac{F_{inf,1} + \dots + F_{inf,N}}{N} \quad (3)$$

式中: $\bar{F}_{inf}$ 为同一建筑类型室内外颗粒物之间的平均渗透系数; $F_{inf,n}$ 为同一建筑类型第 n 户测点室内外颗粒物之间的渗透系数之和, n 为整数; N 为同一建筑类型所有测点的数量。

2.1.1 办公建筑 图 3 为 30 间办公室供暖季室内外细颗粒物浓度及渗透系数计算结果,供暖季办公室各测点室内外 $\text{PM}_{2.5}$ 的平均质量浓度分别为 (44 ± 33) 和 $(75 \pm 65) \mu\text{g}/\text{m}^3$,办公室 $\text{PM}_{2.5}$ 的平均渗透系数为 0.2886。

2.1.2 教学楼 图 4 为 30 间教室供暖季室内外细颗粒物浓度及渗透系数计算结果,供暖季教室各测点室内外 $\text{PM}_{2.5}$ 平均质量浓度分别为 (23 ± 13) 和 $(30 \pm 19) \mu\text{g}/\text{m}^3$,教室 $\text{PM}_{2.5}$ 的平均渗透系数为 0.5702。

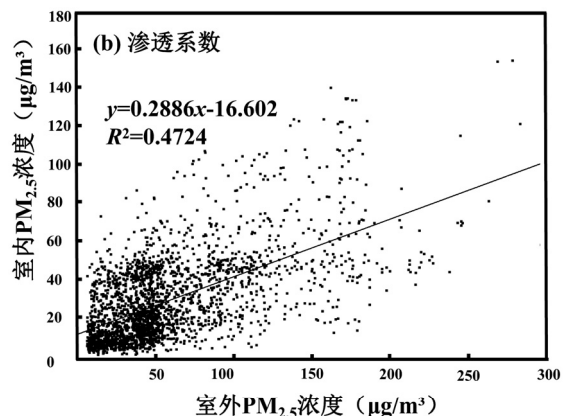
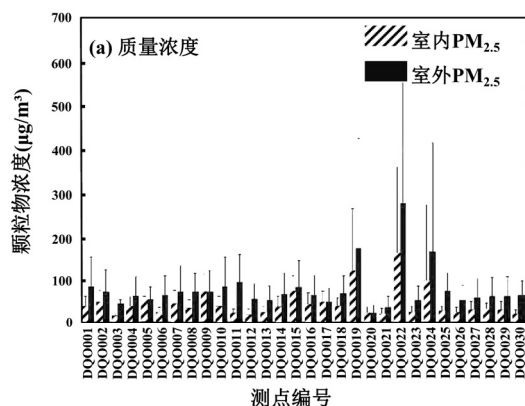


图 3 办公建筑供暖季室内外细颗粒物平均质量浓度及平均渗透系数

Fig.3 The average mass concentration and average permeation coefficient of fine particles in and out of offices during heating season

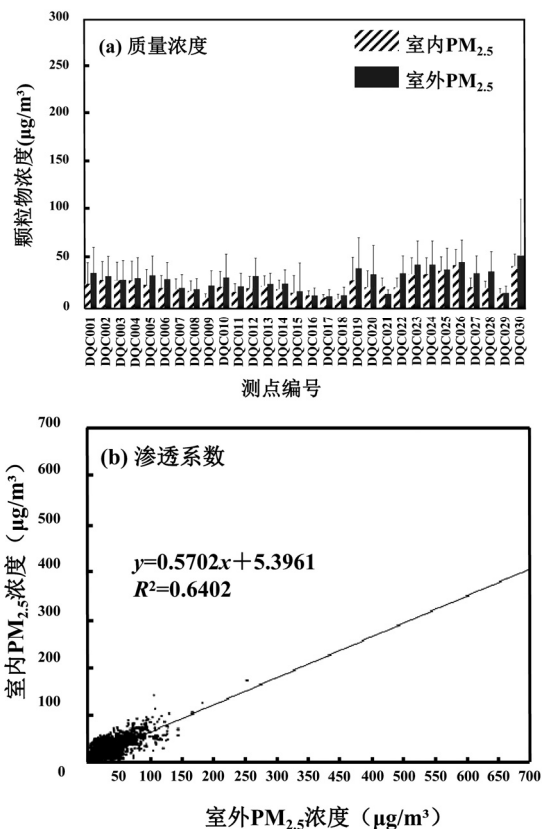


图 4 教室供暖季室内外细颗粒物平均质量浓度及平均渗透系数

Fig.4 The average mass concentration and average permeation coefficient of fine particles in and out of classrooms during heating season

2.1.3 住宅建筑 图 5 为 50 间教室供暖季室内外细颗粒物浓度及渗透系数计算结果,其中 DQH001~DQH038 为城市住宅,DQH039~DQH050 为农村住

宅.供暖季城市住宅各测点室内外 $\text{PM}_{2.5}$ 平均质量浓度分别为 (28 ± 20) 和 $(35 \pm 25) \mu\text{g}/\text{m}^3$, 城市住宅 $\text{PM}_{2.5}$ 的平均渗透系数为 0.6057; 对于农村住宅, 供暖季各测点室内外 $\text{PM}_{2.5}$ 平均质量浓度分别为 (33 ± 27) 和 $(39 \pm 33) \mu\text{g}/\text{m}^3$, 农村住宅 $\text{PM}_{2.5}$ 的平均渗透系数为 0.6513.

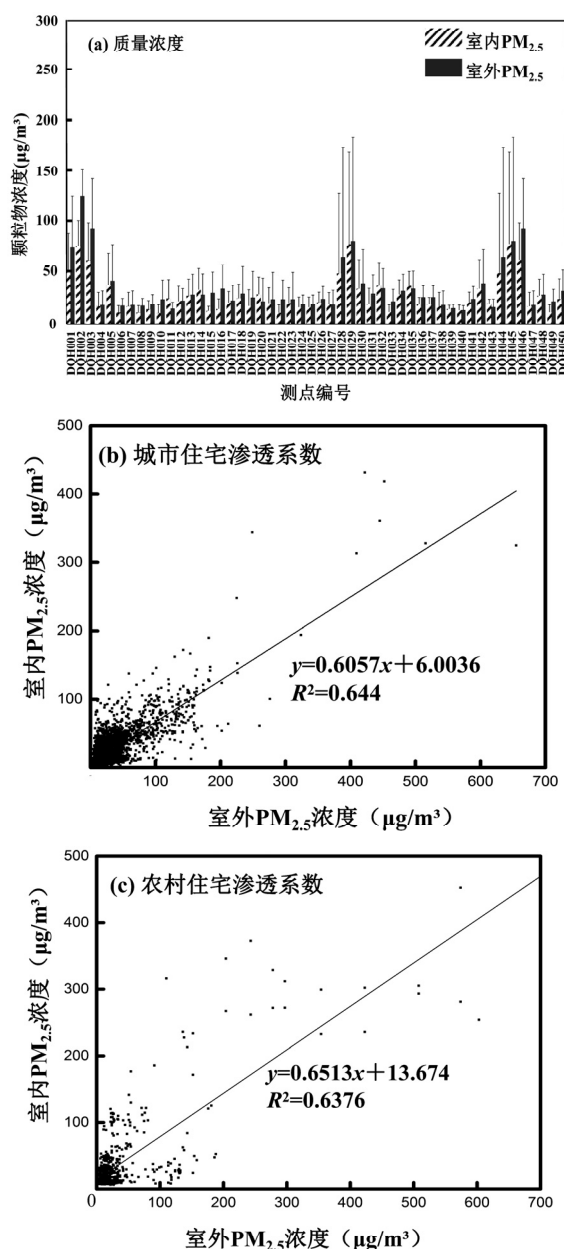


图5 住宅供暖季室内外细颗粒物平均质量浓度及平均渗透系数

Fig.5 The average mass concentration and average permeation coefficient of fine particles in and out of residences during heating season

综上,大庆市供暖季室内外 $\text{PM}_{2.5}$ 质量浓度的平均水平分别为 (32 ± 22) 和 $(45 \pm 34) \mu\text{g}/\text{m}^3$. 其中办公室

的平均渗透系数处于较低的状态(0.2886),教室的渗透系数处于较高的状态(0.5702),这主要是由于办公室的建筑气密性以及室内人员的活动特点决定的,办公室气密性较好且人员开关门窗的频率较低,而对于教室,建筑结构的气密性较差以及人员的频繁活动造成了室外更多的细颗粒物被带入室内,引起室内渗透系数的升高.农村住宅(0.6513)比城市住宅的渗透系数略大(0.6057),这主要与农村住宅和城市住宅封闭的门窗等围护结构的气密性有关.

将严寒地区典型代表工业城市大庆市(46°N , 125°E)与北纬 $45^\circ \sim 55^\circ$ 的城市进行对比,美国供暖季西雅图市(47°N , 122°W)122 户公寓室内外平均渗透系数为 0.59^[27],加拿大乔治王子城(53°N , 122°W)21 户别墅室内外平均渗透系数为 0.27^[28],由此可见中国东北地区住宅建筑室内外颗粒物的渗透系数较同纬度带城市偏高.

2.2 室内外细颗粒物细菌群落组分特征分析

对大庆市供暖季 3 类建筑类型室内外细颗粒物细菌群落的前 10 名共有门类进行分析,如图 6 所示. 研究发现,办公室室内细颗粒物细菌群落主要由变形菌门(*Proteobacteria*)(25.9%)、厚壁菌门(*Firmicutes*)(22.9%)和生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)(14.9%)组成,室外为变形菌门(*Proteobacteria*)(29.3%)、厚壁菌门(*Firmicutes*)(22.8%)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)(15.9%).变形菌门(*Proteobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)为办公室室内外共有优势细菌门类,并且 2 种菌门所占比例近似相等,但不同于室外[拟杆菌门(*Bacteroidetes*)15.9%>生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)7.3%],办公室室内生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)所占比重高于拟杆菌门(*Bacteroidetes*)(14.9%>10.8%),可能原因为大庆市办公建筑气密性较好,供暖季开关门窗的频率较低,人员密度大,而人体本身就是移动的湿源,加之供暖季建筑内无主动排风设备,导致室内水蒸气大量凝结积累,引起办公室室内来自于水体的生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)大量繁殖,使拟杆菌门(*Bacteroidetes*)占比相对降低,引起室内外生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)(室内:14.9%;室外:7.3%)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)(室内:10.8%;室外:15.9%)比重变化.教室室内细颗粒物细菌群落主要由拟杆菌门(*Bacteroidetes*)(35.8%)、厚壁菌门(*Firmicutes*)(28.5%)

和变形菌门(*Proteobacteria*)(19.5%)组成,室外为变形菌门(*Proteobacteria*)(30.6%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)(24.3%)和厚壁菌门(*Firmicutes*)(19.1%),由于教室室内外细颗粒物具有较高的渗透系数导致三大优势细菌门类均相同,但三者的相对丰度百分比却存在较大差异,主要是由于拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)大部分来源于人体及动物,教室室内人员密度远大于室外导致细菌相对丰度存在较大差异.城市住宅室内细颗粒物细菌群落主要由厚壁菌门(*Firmicutes*)(43.5%)、变形菌门(*Proteobacteria*)(37.2%)和放线菌门(*Actinomycetes*)(7.4%)组成,室外为变形菌门(*Proteobacteria*)(29.7%)、厚壁菌门(*Firmicutes*)(17.6%)和生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)(12.2%),由分析结果可知,变形菌门(*Proteobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)为城市住宅室内细菌的优势门类,占比超过 80%,室外细颗粒物优势细菌门类较多且占比相对均匀,可能原因为城市住宅供暖季室内环境构成单一,包括稳定的室内温湿度以及以人为主体的细菌散发源,而城市住宅室外环境构成因素较多,包括树木、喷泉、土壤以及移动的汽车等,这些都是影响细菌优势门类比重的重要影响因素;农村住宅室内细颗粒物细菌群落主要由生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)(30.6%)、厚壁菌门(*Firmicutes*)(14.6%)和变形菌门(*Proteobacteria*)(13.1%)组成,室外细颗粒物细菌优势菌门为厚壁菌门(*Firmicutes*)(33.9%)、变形菌门(*Proteobacteria*)(24.5%)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)(24.0%),农村住宅室内外优势细菌门类比重特征与城市住宅类似,但相较于城市住宅室内地面多由瓷砖或复合型木制地板组成,沉积大量土壤和腐败有机物的农村住宅地面具有更强的蓄水能力,加之农村住宅人员特有的生活方式,如在室内长期存放生活用水和多使用灶进行烹饪而不具有良好的排风系统,导致室内水蒸气大量凝结积累,从而引起来自于水源的生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)大量繁殖.

综上,将严寒地区典型城市大庆市实测结果与中国其他气候分区典型城市进行对比,如图 7 所示.寒冷地区典型代表城市西安市冬季教学楼室外 PM_{2.5} 的优势细菌门类为变形菌门(*Proteobacteria*)(73.70%)和厚壁菌门(*Firmicutes*)(19.15%),两者比重

远大于大庆市(92.85%>49.7%),并且拟杆菌门(*Bacteroidetes*)比大庆市比重小(1.43%>24.3%)^[29];夏热冬冷地区典型代表城市杭州市冬季教学区室外空气中的优势细菌门类为变形菌门(*Proteobacteria*)(35.83%)、放线菌门(*Actinomycetes*)(14.92%)和蓝藻细菌(*Cyanobacteria*)(12.72%),与杭州市相比,大庆市教室室外细颗粒物中变形菌门(*Proteobacteria*)(30.6%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)(24.3%)和厚壁菌门(*Firmicutes*)(19.1%)所占比重较大^[30];温和地区典型城市昆明市冬季商住混合区室外细颗粒物的优势细菌纲类为放线菌纲(*Actinobacteria*,属放线菌门)(>50%)甲型变形菌(*Alphaproteobacteria*,属变形菌门)和异常球菌纲(*Deinococci*,属栖热菌门),细菌优势门类与大庆市相比差异较大,但都是变形菌门(*Proteobacteria*)比重最大^[31];夏热冬暖地区典型城市厦门市冬季室外教学楼大气细颗粒物中厚壁菌门(*Firmicutes*)、变形菌门(*Proteobacteria*)占比达 85%,细菌优势门类与大庆市类似,但大庆市冬季室外教学楼大气细颗粒物中细菌群落门类占比相对均匀^[32].

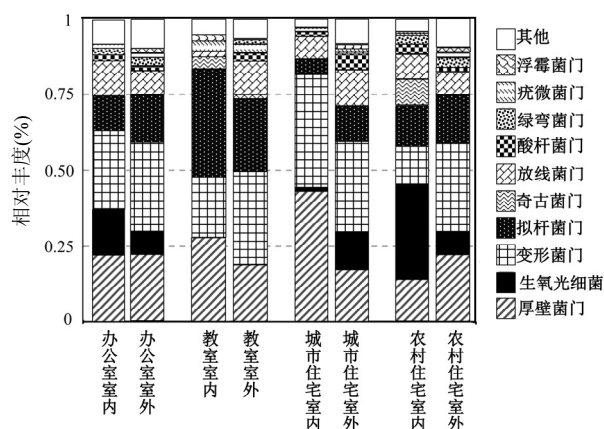


图 6 3 类建筑室内外 PM_{2.5} 样本中丰度前 10 的细菌门类占比

Fig.6 Relative percentage of bacteria phyla in the first 10 abundance of indoor and outdoor PM_{2.5} samples in offices, classrooms and residences during heating season

2.3 室内外细颗粒物细菌群落来源特征研究

根据 BLAST 源解析技术,对大庆市供暖季 3 类建筑室内外细颗粒物细菌的已知近源序列进行来源预测,如表 1 所示.供暖季办公室内外细颗粒物细菌来源比重相似;供暖季教室室内的人体来源和粪便来源比重重要远高于室外,主要是由于室内人员密

度较大导致的.而教室室外土壤来源比重重要大于室内,原因是实测教室室外地面多为沙土,各类活动引起的扬尘导致室外来源于土壤的细菌所占比重较大;由于城市住宅供暖季室内环境构成单一,包括稳定的室内温湿度以及以人为主体的细菌散发源,人体和粪便来源所占比例超过了 85%,其中人体来源占比近半;而城市住宅室外环境构成因素较多,包括树木、喷泉、土壤以及移动的汽车等,导致细菌来源类型较多且比重相对均匀;区别于城市住宅周围大量的建筑与汽车,农村住宅室外环境构成多为土壤、树木和牲畜,导致了农村的土壤来源比重较大;并且农村住宅室外细菌中粪便来源比重重要高于室内,这也符合了上述的客观条件.



图 7 不同气候区典型城市分布

Fig.7 Typical cities distribution in different climatic areas

表 1 不同建筑类型室内外细菌来源预测(%)

Table 1 Prediction of indoor and outdoor bacterial sources in different building types(%)

来源	办公室		教室		城市住宅		农村住宅	
	室内	室外	室内	室外	室内	室外	室内	室外
土壤	26.0	24.3	25.8	45.8	8.6	17.3	41.6	59.0
水体	16.0	10.1	2.9	2.7	2.7	14.9	5.1	7.0
粪便	32.9	38.2	30.4	20.9	37.2	29.7	13.2	23.0
人体	22.4	23.8	35.8	24.3	48.8	29.2	39.0	1.3
腐败有机物	2.7	3.6	5.1	6.3	2.7	8.9	1.1	9.7

3 结论

3.1 实测期间严寒地区大庆市供暖季室内外 PM_{2.5} 质量浓度的平均水平分别为(32±22)和(45±34)μg/m³. 其中办公室的平均渗透系数相对较低(0.2886),教室

的渗透系数相对较高(0.5702),农村住宅(0.6513)比城市住宅的渗透系数略大(0.6057).这主要与不同建筑类型具有不同的建筑气密性及室内人员活动方式有关.

3.2 不同类型建筑室内细颗粒物中的细菌组分存在一定差异,室外细颗粒物中的细菌组分根据采样地点也存在不同.但整体上厚壁菌门(*Firmicuts*)、变形菌门(*Proteobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)和生氧光细菌(*Oxyphotobacteria*)是大庆市供暖季细颗粒物中的优势细菌菌群.

3.3 三类建筑供暖季室内外细颗粒物细菌来源主要为土壤、水体、人体、腐败有机物和粪便.但不同建筑类型及采样区域的细菌来源比例具有一定差异性.整体上室内较室外人体来源所占比重更大,室外较室内土壤来源所占比重更大.

参考文献:

[1] 魏复盛,滕恩江,吴国平.我国 4 个大城市空气 PM_{2.5}, PM₁₀ 污染及其化学组成 [J]. 中国环境监测, 2001,17(7):1-6.
Wei F S, Teng E J, Wu G P. Airborne PM_{2.5}, PM₁₀ pollution and its chemical composition in four major cities in China [J]. China Environmental Monitoring, 2001,17(7):1-6.

[2] Dockery D W, Pope C A, Xu X P, et al. An association between air pollution and mortality in six United-States cities [J]. New England Journal of Medicine, 1993,329(24):753-759.

[3] Dockery D W, Spengler J D. Indoor-outdoor relationships of respirable sulfates and particles [J]. Atmospheric Environment, 1981, 15(3):335-343.

[4] Koutrakis P, Briggs S L K, Leaderer B P. Source apportionment of indoor aerosols in Suffolk and Onondaga Counties, New York [J]. Environmental Science & Technology, 1992,26(3):521-527.

[5] Ozkaynak H, Xue J, Spengler J, et al. Personal exposure to airborne particles and metals: results from the Particle TEAM study in Riverside, California [J]. Journal of Exposure Analysis and Environmental Epidemiology, 1995,6(1):57-78.

[6] 熊志明,张国强,彭建国,等.室内可吸入颗粒物污染研究现状 [J]. 暖通空调, 2004,34(4):32-36.
Xiong Z M, Zhang G Q, Peng J G, et al. Research status of indoor inhalable particulate pollution [J]. HVAC, 2004,34(4):32-36.

[7] 霍奇森,江桂斌,汪海林,等.现代毒理学 [M]. 北京:科学出版社, 2011.
Huo Q S, Jiang G B, Wang H L, et al. Modern toxicology [M]. Beijing: science Press, 2011.

[8] 陶 燕,羊德容,兰 岚,等.兰州市空气污染对呼吸系统疾病入院人数的影响 [J]. 中国环境科学, 2013,33(1):175-180.
Tao Y, Yang D R, Lan L, et al. Effect of air pollution on hospitalization of respiratory diseases in Lanzhou [J]. China Environmental Science, 2013,33(1):175

- [9] Cao C, Jiang W, Wang B, 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
- [10] 郑云昊,李 菁,要茂盛,等.生物气溶胶的昨天、今天和明天 [J]. 科学通报, 2018,63(10):878–894.
- Zheng Y H, Li J, Yao M S, et al. Biological aerosols yesterday, today and tomorrow [J]. Scientific Bulletin, 2018,63(10):878–894.
- [11] Cao C, Jiang W, wang B, 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.
- [12] 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. The characteristics of PM_{2.5} and PM₁₀ bacterial communities in the process of haze pollution in Beijing were analyzed by 16s rRNA gene sequencing [J]. Environmental Science, 2015,36(8):2727–2734.
- [13] 苟欢歌,鲁建江,李珊蔓,等.乌鲁木齐市冬季大气颗粒物中细菌群落结构研究 [C]. 中国环境科学学会学术年会论文集, 2015:4835–4841.
- Gou H G, Lu J J, Li S M, et al. Study on the structure of bacterial community in atmospheric particulate matter in Urumqi in winter [C]. Proceedings of the Annual meeting of the Chinese Society of Environmental Sciences, 2015:4835–4841.
- [14] Bertolini V, Gandolfi I, Ambrosini R, et al. Temporal variability and effect of environmental variables on airborne bacterial communities in an urban area of Northern Italy [J]. Applied microbiology and biotechnology, 2013,97(14):6561–6570.
- [15] Zhou C, Zhu X, Wang Z, et al. Gas-particle partitioning of PAHs in the urban air of Dalian, China: measurements and assessments [J]. Polycyclic Aromatic Compounds, 2013,33(1):31–51.
- [16] MacNeill M, Wallace L, Kearney J, et al. Factors influencing variability in the infiltration of PM_{2.5} mass and its components [J]. Atmospheric environment, 2012,61:518–532.
- [17] Fan R, Wang D, Mao C, et al. Preliminary study of children's exposure to PAHs and its association with 8-hydroxy-2'-deoxyguanosine in Guangzhou, China [J]. Environment international, 2012,42:53–58.
- [18] 赖森潮,苏广宁,邹世春,等.广州市部分居室空气中 PM_{2.5} 污染特征 [J]. 环境与健康杂志, 2006,23(1):39–41.
- Lai S C, Su G N, Zou S C, et al. Characteristics of PM_{2.5} pollution in the air of some bedrooms in Guangzhou [J]. Journal of Environment and Health, 2006,23(1):39–41.
- [19] Martin M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads [J]. Embnet Journal, 2011,17(1).
- [20] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, et al. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection [J]. Bioinformatics, 2011, 27(16):2194–2200.
- [21] Haas B J, Gevers D, Earl A M, et al. Chimeric 16S rRNA sequence formation and detection in Sanger and 454-pyrosequenced PCR amplicons [J]. Genome research, 2011,21(3):494–504.
- [22] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. Nature methods, 2013,10(10):996–998.
- [23] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, et al. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. Applied and environmental microbiology, 2007,73(16):5261–5267.
- [24] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools [J]. Nucleic Acids Research, 2013,1(41):D590–D596.
- [25] Edgar R C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high flux. Nucleic Acids Research, 2004,32:1792–1797.
- [26] Ott W, Wallace L, Mage D. Predicting particulate (PM₁₀) personal exposure distributions using a random component superposition statistical model [J]. Journal of the air & waste management association, 2000,50(8):1390–1406.
- [27] Hystad P U, Setton E M, Allen R W, et al. Modeling residential fine particulate matter infiltration for exposure assessment [J]. Environmental Epidemiology, 2009,19(6):570–579.
- [28] Barnp, Larson T, Noullett M, et al. Infiltration of forest fire and residential wood smoke: an evaluation of air cleaner effectiveness [J]. Environmental Epidemiology, 2008,18(5):503–511.
- [29] 宋 颖.西安市秋冬季微生物气溶胶中细菌群落结构特征研究 [D]. 西安:长安大学, 2017.
- Song Y. Study on the characteristics of bacterial Community structure in microbial Aerosol in Xi'an in Autumn and Winter [D]. Xi'an: Changan University, 2017.
- [30] 姚文冲.基于高通量测序的南方典型旅游城市空气细菌群落特征研究 [D]. 杭州:浙江工商大学, 2016.
- Yao W C. Study on characteristics of Air bacterial Community in typical tourist cities in South China based on High Flux sequencing [D]. Hangzhou: Zhejiang University of Industry and Commerce, 2016.
- [31] 张 昊.典型城市颗粒物中微生物的群落结构及环境因素影响研究 [D]. 杭州:浙江大学, 2018.
- Zhang H. Study on the Community structure and Environmental factors of microorganisms in typical Urban particulate matter [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2018.
- [32] 廖 旭,胡安谊,杨晓永,等.厦门冬季 PM_{2.5} 颗粒物中细菌和真核微生物群落组成及其来源分析 [J]. 生态环境学报, 2013,22(8):1395–1400.
- Liao X, Hu A Y, Yang X Y, et al. Composition and source analysis of bacteria and eukaryotes in winter PM_{2.5} particles in Xiamen [J]. Journal of Ecological Environment, 2013,22(8):1395–1400.

作者简介: 周雨薇(1994-),女,黑龙江牡丹江人,硕士研究生,主要从事室内外空气质量研究工作。