

青岛市雾天细菌气溶胶群落结构特征及健康风险*

张婷¹, 王太恒¹, 祁建华², 李先国¹, 张大海^{1**}

(1. 中国海洋大学化学化工学院, 山东 青岛 266100; 2. 中国海洋大学海洋环境与生态教育部重点实验室, 山东 青岛 266100)

摘要: 本文于2020年7—9月采集雾天和晴天生物气溶胶样品,利用高通量测序和 BugBase 基因功能预测,评估了雾天细菌气溶胶群落特征及潜在健康风险。结果表明,雾天可操作分类单元(OTUs)、物种多样性及丰富度均低于晴天,组内亲缘复杂度高于晴天。罗尔斯通氏菌、短杆菌、丙酸菌和短波单胞菌是雾天优势细菌属,雾天微生物几乎来源于本土,与晴天的细菌在属水平上差异性较小,只是相对丰度有所不同。革兰氏阴性菌(85%)与革兰氏阳性菌(13%)在两组样品中差别不大,但雾天潜在致病性细菌相对丰度(73.42%)高于晴天(59.95%)。两种天气均检测出棒状杆菌、沙雷氏菌、葡萄球菌、奈瑟菌、不动杆菌和摩根氏菌6种人间传染微生物,雾天总相对丰度为6.51%,晴天为4.42%,其中棒状杆菌、沙雷氏菌和葡萄球菌在两种天气下相对丰度相差不大。奈瑟菌在晴天相对丰度较高,不动杆菌以及摩根氏菌在雾天相对丰度较高。结合基因预测结果和潜在病原体分析,雾天致病性以及传染性菌种更为丰富,健康风险更高。

关键词: 雾天; 生物气溶胶; 群落结构; BugBase; 健康风险

中图分类号: X172

文献标志码: A

文章编号: 1672-5174(2022)03-117-07

DOI: 10.16441/j.cnki.hdxh.20210027

引用格式: 张婷,王太恒,祁建华,等. 青岛市雾天细菌气溶胶群落结构特征及健康风险[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2022, 52(3): 117-123.

Zhang Ting, Wang Taiheng, Qi Jianhua, et al. Characteristics of bacterial aerosol community structure and health risks in heavy fog in Qingdao[J]. Periodical of Ocean University of China, 2022, 52(3): 117-123.

近年来,中国经济迅猛发展,随之而来的副产物——雾霾,频繁覆盖全国各大城市,且多以“组合”的形式出现在大众视野^[1]。一方面虽然雾、霾产生的机理不同,但都伴随着能见度低、风速小、相对湿度高的特点。另一方面,均与大气气溶胶有密不可分的联系^[2],并且特定时间段内,随着相对湿度的变化,二者可以相互转化^[3]。Meng等^[4]研究发现,雾滴可以促进细颗粒物在近地表层的积累,进而影响其时空分布。

霾又称灰霾和阴霾,其中PM_{2.5}是霾发生的主要原因^[5],雾霾天气下生物气溶胶群落结构特征已经有很多相关报道^[6-7]。Wei等^[8]利用紫外空气动力学粒子光谱仪检测雾霾环境下大气生物气溶胶,发现雾霾天气下荧光粒子浓度是晴天的6倍以上,同时雾霾环境下生物气溶胶中具有更多的致敏和致病性微生物。生物气溶胶受雾霾天气影响显著,同时也有研究发现,生物气溶胶的群落结构表现出明显的季节变化。Du等^[9]发现,北京市雾霾期间生物气溶胶群落结构与污染水平没有明显的相关性,主要是由季节变化驱动。在天

气监测与研究中,雾和霾是两种不同的天气现象^[10]。雾是一种低层云,作为一种灾害性自然现象,会对交通运输、农业生产和公共生活造成影响。雾天相对湿度高、光照较弱,不益于人们进行室外活动,容易造成胸闷、气短和注意力不集中等不良反应。但是微生物在这种生存条件下可以保持良好的活性及代谢能力^[11]。霾是空气中颗粒物增多,导致能见度降低的大气污染现象^[12]。霾天细颗粒物增多,为微生物提供了附着、传播的载体,同时大气中金属离子、有机化合物(例如多环芳烃)和硝基衍生物等浓度发生显著波动,某些成分对微生物的生存具有毒性作用,从而导致耐性差的物种消失^[13]。简而言之,以雾霾或颗粒物水平进行研究,会导致雾天生物气溶胶的群落特征认知模糊,健康风险被忽视。由于雾、霾本质上的差异,应该在研究中对二者进行严格地区分。

本研究排除采样时间跨度带来的影响,同时基于雾和霾本质上的差异,采集青岛市2020年7—9月空气质量指数(Air Quality Index, AQI)小于100且不同相

* 基金项目:国家自然科学基金项目(41775148);中央高校基本科研业务费专项(201762006)资助

Supported by the National Natural Science Foundation of China(41775148); the Fundamental Research Funds for the Central Universities (201762006)

收稿日期:2021-01-20; 修订日期:2021-03-24

作者简介:张婷(1993—),女,硕士生,主要研究方向为大气气溶胶。E-mail: zhangting_0909@stu.ouc.edu.cn

** 通讯作者: E-mail: dahaizhang@ouc.edu.cn

对湿度下的生物气溶胶样品。分析雾天与晴天环境下细菌群落结构差异,结合 BugBase 细菌功能预测和人间传染微生物的研究结果,评估了高相对湿度下生物气溶胶给人体带来的健康风险。

1 材料和方法

1.1 采样时间及地点

采样地点位于中国海洋大学崂山校区气象观测站(36°10'N, 120°30'E)(见图 1)。于 2020 年 7—9 月采集不同相对湿度生物气溶胶样品,按 AQI<100,相对湿度 90.00%为标准^[14]分为 2 个雾天(F1、F2)和 2 个晴天样本(S1、S2)。



图 1 采样位置

Fig.1 Sample location

1.2 采样方法

采用 KC-1000 型大流量 TSP 采样器(青岛崂山电子仪器总厂有限公司)采集生物气溶胶样品,流量 $1 \text{ m}^3 \cdot \text{min}^{-1}$,采样时间 24 h,采样膜采用石英纤维滤膜,采样前用马弗炉 500 °C 灼烧 4 h,采样后用无菌锡箔纸包裹,放置在超低温冰箱内保存。气象数据来源于青岛市气象局(<http://qdqx.qingdao.gov.cn/>),颗粒物和气体污染物浓度来源于青岛市环境保护局资料(<http://www.qepb.gov.cn/m2/index.aspx>)(见表 1)。

1.3 DNA 提取

采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法^[15]对样本的基因组 DNA 进行提取,通过琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度,取适量的样本 DNA 于离心管中,使用无菌水稀释。以稀释后的基因组 DNA 作为聚合酶链式(PCR)反应模板,对 16SrRNA 基因的 V4-V5 区域进行扩增。使用 TruSeq® DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 文库试剂盒进行文库构建,构建好的文库,经过量子(Qubit)和定量聚合酶链式反应(Q-PCR)定量。文库合格后,使用 NovaSeq6000 进行上机测序。根据 Barcode 序列和 PCR 扩增引物序列从下机数据中拆分出各样本数据,截去 Barcode 和引物序列后使用 FLASH 对每个样本的测序读段(Reads)进行拼接、过滤和去除嵌合体的处理,得到最终的有效数据(Effective Tags)。利用 Uparse 软件对所有样本的全部有效数据进行聚类,默认以 97.00%的一致性将序列聚类成为可操作分类单元(OTU),根据 OTUs 序列进行物种注释^[16]。

表 1 采样期间气象参数、颗粒物及气体污染物浓度

Table 1 Meteorological parameters and concentration of particulate matter and gaseous pollutants

编号 No.	采样日期 Sampling time	O ₃ /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	温度 T /°C	相对湿度 RH/%	PM _{2.5} /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	PM ₁₀ /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	SO ₂ /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	NO ₂ /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	空气质量指数 AQI	CO /($\text{mg} \cdot \text{m}^{-3}$)
S1	2020-09-09	24	24	75	33	63	8	58	57	0.9
S2	2020-07-20	43	21	82	19	31	5	24	31	0.6
F1	2020-07-17	82	23	92	20	32	4	15	32	0.4
F2	2020-08-01	60	24	99	6	16	5	20	10	0.4

1.4 功能注释

利用 BugBase^[17]对细菌进行功能注释,以 97.00%的一致性将序列聚类成为的 OTU 表作为输入文件。首先通过预测的 16S 拷贝数对 OTU 表进行标准化处理,然后使用预先处理好的数据库和 BugBase 工具自动选择的阈值来预测微生物表型。分为以下七类:革兰氏阳性、革兰氏阴性、生物膜形成、致病性、移动元件、氧需求(好氧型、厌氧型和兼性厌氧型)及氧化胁迫耐受。

2 结果与讨论

2.1 Alpha 多样性分析

两组样品经拼接、质控和去嵌合体后共得到有效数据 124 466 条,以 97.00%的一致性聚类为 352 个 OTU,注释到 34 门、58 纲、118 目、163 科、201 属和 91 种。两组样品覆盖率均为 1,说明测序深度已达到要求,样品具有代表性。样品韦恩图(见图 2)显示,雾天总 OTUs 数值为 237、独有 OTUs 数值为 58,晴天总

OTUs 数值为 294、独有 OTUs 数值为 115,均高于晴天。Dong 等^[18]研究发现,雾天微生物的浓度为 $9.00 \times 10^5 \text{ cells} \cdot \text{m}^{-3}$,涨幅约为晴天的 37.00%,采样期间雾天 $\text{PM}_{2.5}$ 浓度为 $76.50 \mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$,晴天为 $52.20 \mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$,而本研究采样期间雾天 AQI、 $\text{PM}_{2.5}$ 和 PM_{10} 等污染物浓度均低于晴天(见表 1),颗粒物污染可能是导致研究结果相反的重要原因,说明本研究排除了类似霾天的颗粒物污染。

霾天细菌气溶胶相关研究发现,霾发生时微生物总数增加^[19],不同天气下微生物总数呈现:霾天>晴天>雾天。两组样品共有 OTUs 数为 179,说明这些物种具有较强的适应能力,可以在不同天气条件下稳定生存。随着相对湿度的升高,样品中 OTUs 呈现先下降后上升再下降的趋势。当相对湿度开始升高时,一些细菌物种不能适应环境的改变而消失,OTUs 降低;当相对湿度高达 90%(雾天)以上时,一些适应高相对湿度环境的物种变多,OTUs 升高;但当相对湿度高达 99%时,此时的生存环境对于微生物是比较苛刻的,导致 OTUs 再次下降。

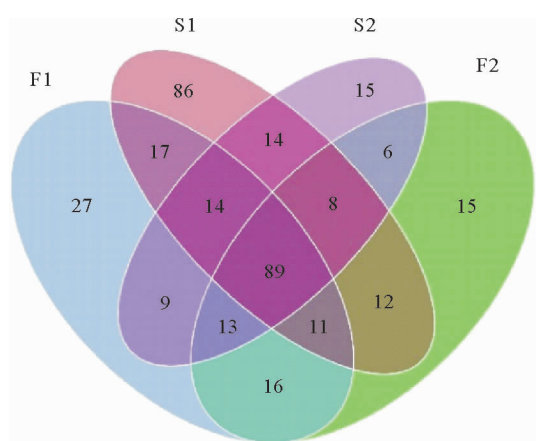


图 2 样本韦恩图

Fig.2 Venn graph

晴天香农指数(3.63)、辛普森指数(0.72)、Chao1 指数(222.01)均大于雾天(香农指数(2.73)、辛普森指数(0.55)、Chao1 指数(216.39)),说明晴天样品的生物多样性、丰富度和均匀度更高,这与霾天物种多样性的变化趋势相同。雾、霾天气发生时,生物多样性呈下降趋势。相关研究表明,相对湿度与微生物多样性呈显著负相关^[9,20],解释了雾天生物多样性的下降。雾天时,一些细菌不能适应生存条件的改变而大规模消失,与此同时适应雾天环境的物种增加,组内亲缘指数上升(雾天:26.115、晴天:19.611),说明雾天样品的组内亲缘关系更复杂,晴天两个样本群落结构更加相似,F2 采样期间相对湿度高达 99%,与另一个样品区别较大,说明相对湿度越高,生物多样性变化幅度越大。

2.2 细菌群落结构

由前十门相对丰度图(见图 3(a))可知,前十门相对丰度差别较大,变形菌门占主导地位,具有绝对优势,是雾天和晴天样品的优势菌门,雾天相对丰度为 79.48%、晴天相对丰度为 69.67%。斯皮尔曼相关性分析(见图 4(a))显示,变形菌门与气象因子并没有明显的相关性。相关研究表明,变形菌门是细菌中最大门类,也是不同地区,不同生物气溶胶样本中优势菌门^[21-22]。其次是放线菌门(雾天 11.72%、晴天 13.91%)和厚壁菌门(雾天 2.67%、晴天 3.80%)。霾天相关研究发现,变形菌门与厚壁菌门相对丰度差别不大^[23-24]。然而本研究中二者相对丰度相差极大,变形菌门的相对丰度是厚壁菌门的 20 倍,采样时平均相对湿度高达 87%,同时厚壁菌门在雾天的相对丰度小于晴天,说明变形菌门受相对湿度变化影响较小,但厚壁菌门影响较大。当雾发生时蓝细菌门和脱硫菌门相对丰度明显降低(蓝细菌门:晴天 5.38%、雾天 0.55%;脱硫菌门:晴天相对 0.17%、雾天小于 0.01%)。由图 4(a)可以看出,以上两个细菌门与相对湿度呈负相关,说明蓝细菌门与脱硫菌门不适应高湿度的生存环境,相对湿度增加,两种门类的一些菌种消失。拟杆菌门、绿弯菌门、酸杆菌门等在两组样品中差别不大,说明以上几种菌门对环境的耐性较好,受环境影响较小。

由前十属相对丰度图(见图 3(b))可以看出,罗尔斯通氏菌在两组样品中相对丰度均超过 50%(雾天 64.29%、晴天 51.28%),是两组样品的绝对优势菌属。罗尔斯通氏菌又名青枯菌,是一种已知的植物病原体,被称为植物“癌症”,会造成农作物减产^[25],属水平相关性分析热图(见图 4(b))。图 4(b)显示,罗尔斯通氏菌属与 O_3 呈正相关,采样时雾天 O_3 平均浓度高于晴天,因此相对湿度高的环境下需要对农作物进行青枯病的防治。除罗尔斯通氏菌属外,其他菌属相对丰度较为均匀,丙酸菌(7.89%)和副球菌(4.39%)是晴天优势菌属(相对丰度>2%),短杆菌(4.33%)、丙酸菌(2.91%)和短波单胞菌(2.10%)是雾天优势菌属。丙酸菌是皮肤病原菌,暴露于高浓度的丙酸杆菌,会引起面部以及躯干皮肤疾病^[26],丙酸菌与 NO_2 呈正相关与相对湿度呈负相关,副球菌属与温度呈负相关,因此以上两种菌属在晴天相对丰度较高。短杆菌属与温度呈正相关,不动杆菌属与 NO_2 呈负相关,因此两种菌属在雾天相对丰度较高。

通过实验结果发现:雾天微生物几乎来源于本土,这一点与霾天相关研究有很大区别。霾天颗粒物增多,会带来颗粒物源区的微生物菌属^[27-29],同时不同地区研究发现,霾发生时微生物群落变化较大,且优势菌属具有很大差异^[30]。但是雾天相对湿度高,不利于微生物

的扩散和释放^[31],出现新物种的概率较低,与晴天的细菌在属水平上差异性较小,只是相对丰度有所不同。

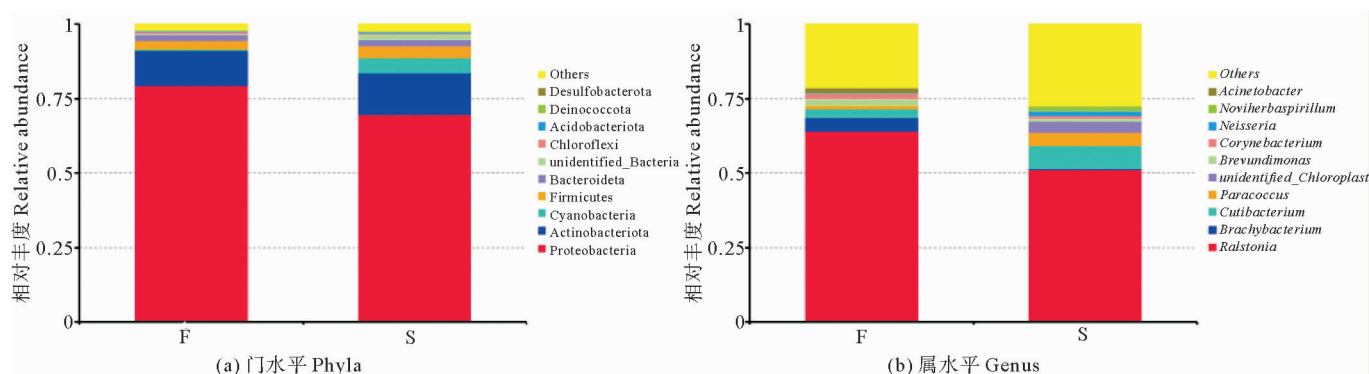


图3 不同天气下物种相对丰度图

Fig.3 Distribution map of the relative abundance under different weather conditions

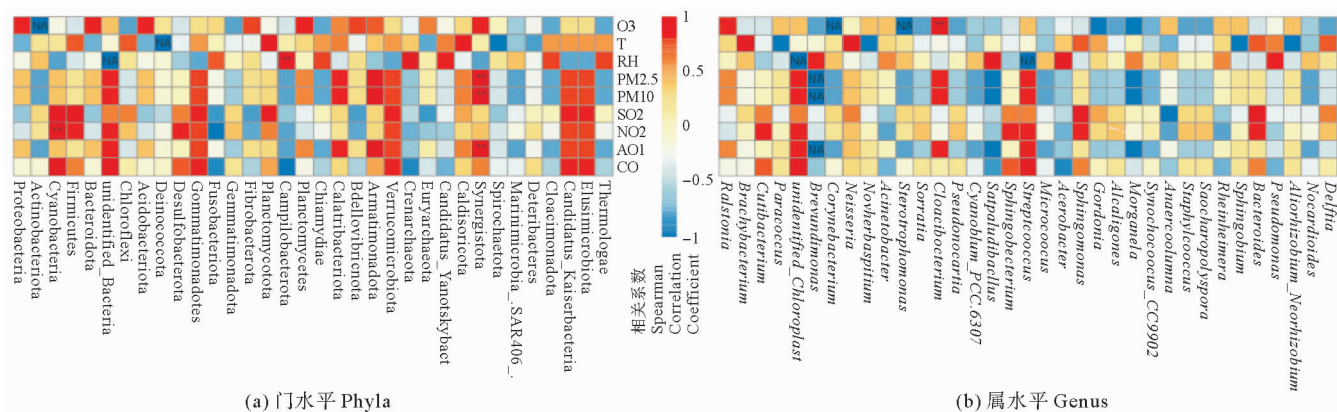


图4 Spearman 相关性分析热图

Fig.4 Spearman correlation analysis chart

2.3 基因功能注释及健康风险

生物气溶胶是微生物病原体(内毒素、过敏原)的已知来源^[32],会对人类及动植物的健康造成不良影响^[33-36]。国内外对于生物气溶胶健康风险的评估方式大体分为四种:动物实验、沉积动力学、大数据和平均日暴露剂量率模型推算。其中最常用的还是1999年美国环境保护署提出的平均日剂量率(ADD)模型^[37],但可培养类微生物在空气中微生物总数的占比不到1%,随着高通量技术的发展,基因功能预测开始被应用于环境样本的研究中。

由BugBase预测的细菌7种表型丰度图(见图5)可以看出,两种天气中好氧细菌相对丰度高达85%以上,晴天好氧细菌比雾天相对丰度高(晴天93.64%、雾天84.75%),同时雾天厌氧细菌占比高于晴天(雾天0.80%、晴天0.47%)。雾天相对湿度高,空气中聚集大量水珠,使气溶胶粒子散射吸湿增长、消光特性增强^[38],从而导致雾天紫外线照射空气透过率低,植物光合作用不充分,氧气含量低于晴天。氧气含量的降低使得一些对氧气需求比较大的好氧型细菌物种消失,

导致其丰度低于晴天。两组样品中兼性厌氧型细菌相差不大,相对丰度约为4%。雾天样品中移动原件型细菌相对丰度70.13%,高于晴天样品(56.55%),移动原件型细菌可以使细菌进行表型进化,从而最大限度地获得和适应环境,并生存繁殖出所必须的功能,雾天相对丰度高是因为一部分细菌进行了表型的进化,适应了高相对湿度的环境。两种天气中革兰氏阴性菌占比均高于阳性菌,丰度相差不大。革兰氏阴性菌相对丰度为85%左右,革兰氏阳性菌相对丰度为13%左右。常见的蓝细菌和大多数致病性芽孢杆菌均呈现革兰氏阴性反应,如:伤寒杆菌、百日咳杆菌、霍乱杆菌等。相关研究表明,革兰氏阴性菌细胞壁外层特有的结构——内毒素^[39],作为外源性致热源会影响体温调节中枢,引起宿主发热、发炎,同时很容易附着在颗粒上造成肺扩散能力降低^[40-41]。葡萄球菌、肺炎双球菌、破伤风等致病菌呈革兰氏阳性反应,产生外毒素从而感染疾病。雾天潜在性致病菌相对丰度高达73.42%,高于晴天(59.95%),雾天生物气溶胶中的致病性细菌更多,给人体带来的健康风险更大。

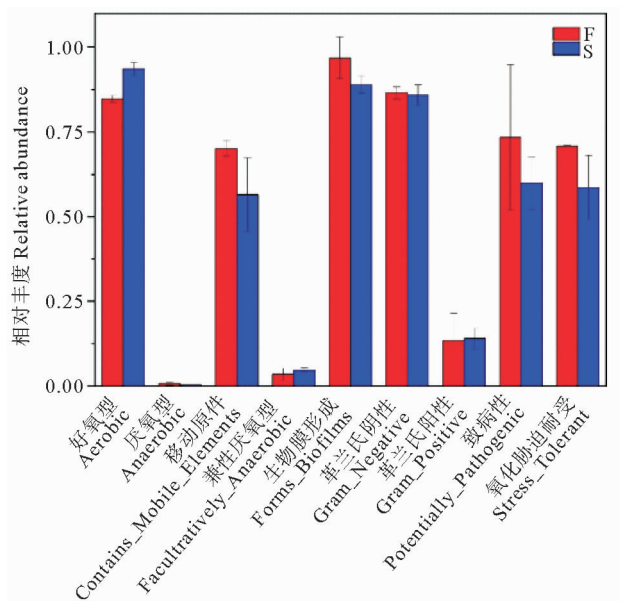


图5 微生物预测表型丰度图

Fig.5 Microbiological predictors of phenotypic abundance

两种天气条件下均检测出棒状杆菌、沙雷氏菌、葡萄球菌、奈瑟菌、不动杆菌和摩根氏菌 6 种人间传染致病性微生物,雾天总相对丰度为 6.51%,晴天为 4.42%。其中棒状杆菌、沙雷氏菌和葡萄球菌在两种天气下相对丰度相差不大,梭状芽孢杆菌是棒状杆菌属中最需要关注的菌种,是引起传染性疾病——白喉的病原体^[42]。沙雷氏菌和不动杆菌广泛分布于环境中,属于条件性致病菌和医院获得性病原体,粘质沙雷氏菌会引发术后病人败血症,鲍曼不动杆菌会引起肺炎、心内膜炎、皮肤和软组织感染及脑膜炎等。葡萄球菌分为两大类:金黄色葡萄球菌和非金黄色葡萄球菌。金黄色葡萄球菌是社区和医院获得性感染的主要原因之一,会引起浅表脓肿和伤口感染、深部和全身性感染,例如骨髓炎和中毒性休克综合征等疾病,在非金黄色葡萄球菌中,表皮葡萄球菌会造成导管的相关感染^[43]。奈瑟菌在晴天含量较高(1.63%),雾天相对丰度小于 0.01%。不动杆菌以及摩根氏菌在雾天相对丰度较高(>1.5%),晴天相对丰度小于 0.01%,致病性奈瑟氏菌(淋病奈瑟氏球菌和脑膜炎奈瑟氏球菌)具有改变表面结构从而在人类黏膜组织上定殖的能力,进而导致淋病和流行性脑膜炎^[44]。摩根氏菌常见于粪便中,是一种机会性致病菌。两种天气下潜在病原体与人间传染微生物相对丰度变化结果表明,雾天致病性以及传染性菌种更为丰富,需要更加引起关注。

3 结论

(1) 雾天 OTUs、物种多样性及丰富度均低于晴天,组内亲缘复杂度高于晴天。相对湿度越高,物种多样性变化幅度越大。罗尔斯通氏菌、短杆菌、丙酸菌和

短波单胞菌是雾天优势菌属。雾天微生物几乎来源于本土,与晴天存在的细菌属水平上几乎相同,只是相对丰度上有一定差异性。

(2) 革兰氏阴性菌与革兰氏阳性菌在两组样品中差别不大,雾天潜在致病性细菌相对丰度(73.42%)高于晴天(59.95%)。两种天气条件下均检测出棒状杆菌、沙雷氏菌、葡萄球菌、奈瑟菌、不动杆菌和摩根氏菌 6 种人间传染致病性微生物,雾天总相对丰度为 6.51%,晴天为 4.42%。其中棒状杆菌、沙雷氏菌和葡萄球菌在两种天气下相对丰度相差不大,奈瑟菌在晴天含量较高,不动杆菌和摩根氏菌在雾天相对丰度较高。

(3) 结合潜在病原体和人间传染微生物分析,结果表明雾天生物气溶胶给人体带来的健康风险高于晴天。

参考文献:

- [1] Wei K, Tang X Y, Tang G Q, et al. Distinction of two kinds of haze[J]. Atmospheric Environment, 2020, 223: 117228, DOI: 10.1016/j.atmosenv.2019.117228.
- [2] Hu R, Wang H, Yin Y, et al. Mixing state of ambient aerosols during different fog-haze pollution episodes in the Yangtze River Delta, China[J]. Atmospheric Environment, 2018, 178: 1-10.
- [3] Tiwari S, Payra S, Mohan M, et al. Visibility degradation during foggy period due to anthropogenic urban aerosol at Delhi, India[J]. Atmospheric Pollution Research, 2011, 2(1): 116-120.
- [4] Meng Q, Fan S, He J, et al. Particle size distribution and characteristics of polycyclic aromatic hydrocarbons during a heavy haze episode in Nanjing, China[J]. Particuology, 2015, 18: 127-134.
- [5] 王学轩, 盖秀云, 王军民, 等. 雾霾的辨别及危害浅析[J]. 农业灾害研究, 2018, 8(6): 93-94.
Wang X X, Gai X Y, Wang J M, et al. Analysis on discrimination and harm of fog and haze[J]. Journal of Agricultural Catastrophology, 2018, 8(6): 93-94.
- [6] Gao M, Qiu T L, Jia R Z, et al. Concentration and size distribution of bioaerosols at non-haze and haze days in Beijing[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2014, 35: 4416-4421.
- [7] 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.
- [8] Wei K, Zou Z, Zheng Y, et al. Ambient bioaerosol particle dynamics observed during haze and sunny days in Beijing[J]. Science of the Total Environment, 2016, 550: 751-759.
- [9] 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.
- [10] 王先芸, 张秀萍, 张小红, 等. 雾的预报等级在雾的观测及预警预报中的应用[J]. 现代农业科技, 2017, 17: 208-210.
Wang X Y, Zhang X P, Zhang X H, et al. Application of fog forecast level in fog observation and early warning forecast[J]. Modern Agricultural Science and Technology, 2017, 17: 208-210.
- [11] Amato P, Parazols M, Sancelme M, et al. An important oceanic

- source of microorganisms for cloud water at the Puy de Dôme (France)[J]. *Atmospheric Environmental*, 2007, 41(37): 8253-8263.
- [12] 韩博威, 马晓燕. 2014—2018年冬季长三角强霾事件及天气形势分析[J]. *环境科学学报*, 2020, 40(7): 2333-2345.
- Han B W, Ma X Y. Analysis of the severe haze events in the Yangtze River Delta during the winter of 2014—2018 and the weather situation on haze[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, 40(7): 2333-2345.
- [13] Bootdee S, Chantara S, Prapamontol T. Determination of $PM_{2.5}$ and polycyclic aromatic hydrocarbons from incense burning emission at shrine for health risk assessment[J]. *Atmospheric Pollution Research*, 2016, 7(4): 680-689.
- [14] 王帅. 关于雾与霾天气现象的辨别研究[J]. *科技风*, 2020(5): 139-139.
- Wang S. Research on the discrimination between fog and haze[J]. *Technology Wind*, 2020(5): 139-139.
- [15] 王宁, 都佳寅, 张卫军. 4种方法提取口腔致病菌DNA效果的比较[J]. *医学理论与实践*, 2018, 31(9): 1253-1256.
- Wang N, Du J Y, Zhang W J. Comparison of four methods for extraction and purification of DNA from dental pathogenic bacteria[J]. *The Journal of Medical Theory and Practice*, 2018, 31(9): 1253-1256.
- [16] 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.
- [17] Ward T, Larson J, Meulemans J, et al. BugBase predicts organism level microbiome phenotypes[J]. *BioRxiv*, 2017, 133462, DOI: <http://dx.doi.org/10.1101/133462>.
- [18] Dong L J, Qi J H, Shao C C, et al. Concentration and size distribution of total airborne microbes in hazy and foggy weather[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 541: 1011-1018.
- [19] 王伟, 付红蕾, 王廷路, 等. 西安市秋季灰霾天气微生物气溶胶的特性研究[J]. *环境科学学报*, 2016, 36(1): 279-288.
- Wang W, Fu H L, Wang T L, et al. Characteristics of microbial aerosols on haze days in Autumn in Xi'an, China[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2016, 36(1): 279-288.
- [20] Fan X Y, Gao J F, Pan K L, et al. More obvious air pollution impacts on variations in bacteria than fungi and their co-occurrences with ammonia-oxidizing microorganisms in $PM_{2.5}$ [J]. *Environmental Pollution*, 2019, 251: 668-680.
- [21] Wei M, Xu C H, Xu X M, et al. Size distribution of bioaerosols from biomass burning emissions: Characteristics of bacterial and fungal communities in submicron ($PM_{1.0}$) and fine ($PM_{2.5}$) particles[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, 171: 37-46.
- [22] Bowers R M, McCubbin I B, Hallar A G, et al. Seasonal variability in airborne bacterial communities at a high-elevation site[J]. *Atmospheric Environment*, 2012, 50: 41-49.
- [23] 姜少毅, 孙博文, 代海涛, 等. 合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落结构的高通量测序分析[J]. *环境科学*, 2021, 42(5). <https://doi.org/10.13227/j.hj.kx.202009012>.
- Jiang S Y, Sun B W, Dai H T, et al. High-throughput sequencing analysis of microbial communities in summertime atmospheric particulate matter in Hefei city[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(5). <https://doi.org/10.13227/j.hj.kx.202009012>.
- [24] 迟婉秋, 王琨, 许悦, 等. 哈尔滨市大气 $PM_{2.5}$ 细菌群落结构特征的研究[J]. *环境科学与技术*, 2018, 41(12): 190-194.
- Chi W Q, Wang K, Xu Y, et al. The composition of bacteria in $PM_{2.5}$ in the atmosphere of Harbin[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 41(12): 190-194.
- [25] 谢鹏昊, 张超, 文涛, 等. 基于 Web of Science 文献计量分析的青枯病研究进展[J]. *中国农业大学学报*, 2020, 25(11): 62-73.
- Xie P H, Zhang C, Wen T, et al. Bibliometric analysis of bacterial wilt based on the literature from Web of Science[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2020, 25(11): 62-73.
- [26] Chen Y E, Fischbach M A, Belkaid Y. Skin microbiota-host interactions[J]. *Nature*, 2018, 553(7689): 427-436.
- [27] Katra I, Arotsker L, Krasnov H, et al. Richness and diversity in dust stormborne biomes at the southeast Mediterranean[J]. *Scientific Reports*, 2014, 4: 5265. DOI: 10.1038/srep05265.
- [28] 张瑜, 李维林, 杨金水, 等. 重度霾污染时空气细菌群落特征及关键环境因子的相关性[J]. *微生物学报*, 2020, 47(10): 3126-3140.
- Zhang Y, Li W L, Yang J S, et al. Community characteristics of airborne bacteria in severe haze and its correlation with key environmental factors[J]. *Microbiology China*, 2020, 47(10): 3126-3140.
- [29] Yuan H, Zhang D, Shi Y, et al. Cell concentration, viability and culture composition of airborne bacteria during a dust event in Beijing[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2017, 55: 33-40.
- [30] 李彦鹏, 刘鹏霞, 谢铮胜, 等. 霾污染天气大气微生物气溶胶特性的研究进展[J]. *科学通报*, 2018, 63(10): 940-953.
- Li Y P, Liu P X, Xie Z S, et al. Recent research progress and perspective of characteristics of ambient bioaerosols during hazy pollution in China[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2018, 63(10): 940-953.
- [31] Zhen Q, Deng Y, Wang Y Q, et al. Meteorological factors had more impact on airborne bacterial communities than air pollutants [J]. *Science of the Total Environment*, 2017(601-602): 703-712.
- [32] Skotak K, Degorska A, Ulanczyk R, et al. Carbonaceous aerosol: An indicator of the human activity impact on environment and health[J]. *Przemysl Chemiczny*, 2016, 95(3): 548-553.
- [33] Hunbal C, Gautam S, Trivedi U. A review on recent progress in observations, and health effects of bioaerosols[J]. *Environment International*, 2018, 118: 189-193.
- [34] Sunil S, Padmakumari B. High temporal variability of wintertime fog, aerosol and Red-Blue-Ratio using ground-based observations of shortwave irradiance and sky imagery over a station in Indo-Gangetic Basin: Optical and Radiative characteristics[J]. *Atmospheric Environment*, 2020, 226: 117382. DOI: 10.1016/j.atmosenv.2020.117382.
- [35] Kim K, Kabir E, Jahan S A. Airborne bioaerosols and their impact on human health[J]. *Environmental Sciences*, 2018, 67: 23-35.
- [36] Hamzavi S S, Amanati A, Badiie P, et al. Changing face of *Candida* colonization pattern in pediatric patients with hematological malignancy during repeated hospitalizations, results of a prospective observational study (2016—2017) in shiraz, Iran[J]. *BMC Infectious Diseases*, 2019(19): 759. DOI: 10.1186/s12879-019-

- 4372-x.
- [37] Yang T, Han Y, Zhang M Z, et al. Characteristics and exposure risks of potential pathogens and toxic metal (loid)s in aerosols from wastewater treatment plants[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, 183: 109543. DOI: 10. 1016/j. ecoenv. 2019. 109543.
- [38] 杨洋, 王红磊, 侯雪伟, 等. 石家庄一次持续性霾过程形成原因及气溶胶垂直探空分析[J]. *环境科学学报*, 2017, 37(3): 824-832.
- Yang Y, Wang H L, Hou X Y, et al. Characteristics and formation mechanism of a long-term haze episode and the vertical distribution of aerosol concentration in Shijiazhuang[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, 37(3): 824-832.
- [39] 张吉鹏. 内毒素的生物活性及其对猪的危害[J]. *猪业科学*, 2020, 37(11): 134-137.
- Zhang J K. The bioactivity of endotoxin and its harm to the pigs [J]. *Swine Industry Science*, 2020, 37(11): 134-137.
- [40] Thilising T, Madsen A, Basinas I, et al. Dust, endotoxin, fungi, and bacteria exposure as determined by work task, season, and type of plant in a flower greenhouse[J]. *Annals of Occupational Hygiene*, 2015, 59(2): 142-157.
- [41] Ortiz-Martínez M, Rodríguez-Cotto R, Ortiz-Rivera M, et al. Linking endotoxins, African dust PM₁₀ and asthma in an urban and rural environment of Puerto Rico[J]. *Mediators of Inflammation*, 2015, 146: 784212. DOI: 10. 1155/2015/784212.
- [42] Andreas T, Andreas B. Molecular armory or niche factors: Virulence determinants of *Corynebacterium* species[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2015, 362(23): 185. DOI: 10. 1093/femsle/fnv185.
- [43] Hiramatsu K, Kayayama Y, Matsuo M, et al. Vancomycin-intermediate resistance in *Staphylococcus aureus* [J]. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 2014, 2(4): 213-224.
- [44] Budroni S, Siena E, Hotopp J, et al. *Neisseria meningitidis* is structured in clades associated with restriction modification systems that modulate homologous recombination[J]. *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 2011, 108(11): 4494-4499.

Characteristics of Bacterial Aerosol Community Structure and Health Risks in Heavy Fog in Qingdao

Zhang Ting¹, Wang Taiheng¹, Qi Jianhua², Li Xianguo¹, Zhang Dahai¹

(1. College of Chemistry and Chemical Engineering, Ocean University of China, Qingdao 266100, China; 2. The Key Laboratory of Marine Environment and Ecology, Ministry of Education, Ocean University of China, Qingdao 266100, China)

Abstract: The health risk effects of bioaerosols under different weather conditions have received increasing attention. The characteristics of bioaerosols in haze have been extensively studied, but reports on foggy days are relatively rare. The foggy and sunny bioaerosol samples were collected from July to September 2020, and high-throughput sequencing and BugBase gene function prediction were used to evaluate the characteristics of the foggy bacterial community and potential health risks. The results showed that the OTUs, species diversity and richness in foggy days were lower than those in sunny days, and the complexity of kinship within the group was greater than in sunny days. *Ralstonia*, *Brevibacterium*, *Propionibacterium* and *Brevundomonas* are the dominant bacteria in foggy weather. The microbes in foggy days are almost native, and they are almost the same as the bacterial genera in sunny days, but there are some differences in relative abundance. There was little difference between Gram-negative bacteria (85%) and Gram-positive bacteria (13%) in the two samples, and the relative abundance of potentially pathogenic bacteria was higher in foggy days (73.42%) than that in sunny days (59.95%). Six human-infectious microorganisms were detected in both weathers: *Corynebacterium*, *Serratia*, *Staphylococcus*, *Neisseria*, *Acinetobacter* and *Morganella*. The total relative abundance of foggy days is 6.51%, and that of sunny days is 4.42%. Among them, the relative abundance of *Corynebacterium*, *Serratia*, and *Staphylococcus* was not much different under the two weathers. *Neisseria* has a higher content on sunny days, *Acinetobacter* and *Morganella* have higher relative abundance on foggy days. Comprehensive gene prediction results and potential pathogen analysis, foggy weather pathogenic and infectious bacteria are more abundant, and health risks are higher.

Key words: fog; bioaerosol; community structure; BugBase; health risk