

研究报告

厦门市空气微生物的时空分布特征及其影响因素

廖明宇^{1,3}, 李姜维^{*1,2}, 李来一^{1,2}, 叶红^{4,6}, 崔胜辉⁴, 洪有为⁵, 于昌平¹,
胡安谊^{*1,2}

1 中国科学院城市环境研究所城市污染物转化重点实验室, 福建 厦门 361021

2 中国科学院大学, 北京 100049

3 福建农林大学资源与环境学院, 福建 福州 350002

4 中国科学院城市环境研究所环境与健康重点实验室, 福建 厦门 361021

5 中国科学院城市环境研究所 中国科学院区域大气环境研究卓越创新中心, 福建 厦门 361021

6 宁波(北仑)中科海西产业技术创新中心, 浙江 宁波 315800

廖明宇, 李姜维, 李来一, 叶红, 崔胜辉, 洪有为, 于昌平, 胡安谊. 厦门市空气微生物的时空分布特征及其影响因素[J]. 微生物学通报, 2024, 51(6): 1950-1969.

LIAO Mingyu, LI Jiangwei, LI Laiyi, YE Hong, CUI Shenghui, HONG Youwei, YU Changping, HU Anyi. Spatiotemporal distribution and influencing factors of airborne microbes in Xiamen of China[J]. Microbiology China, 2024, 51(6): 1950-1969.

摘要: 【背景】城市环境中空气微生物的丰度、群落组成及其传输、扩散受区域环境和气象条件等多种因素的综合影响, 并深刻影响着城市环境安全和居民健康。【目的】研究福建厦门不同季节、城市功能区和行政区空气细菌和真菌丰度和群落组成的时空分布特征, 探讨影响空气微生物群落时空变化的主要影响因素, 评估病原菌的潜在风险。【方法】采用大容量生物气溶胶采样器, 于 2021 年夏季和 2022 年冬季在厦门市多个城市功能区采集了生物气溶胶样品, 利用实时荧光定量 PCR 技术分析不同功能区和行政区空气细菌和真菌的绝对丰度, 并探究其与环境因子的相关性; 利用宏基因组测序技术分析厦门岛和同安区细菌群落组成, 并开展潜在病原菌的风险评估。【结果】细菌绝对丰度在夏冬两季之间存在显著性差异($P<0.001$), 冬季(平均 2.17×10^5 copies/m³)比夏季(平均 3.18×10^4 copies/m³)高 1 个数量级左右。公园中空气细菌绝对丰度最低, 而在工业区最高。真菌绝对丰度在夏冬两季之间无显著性差异, 夏季绝对丰度(平均 4.24×10^3 copies/m³)高于冬季(平均 8.95×10^2 copies/m³), 最低绝对丰度出现在公园。夏季同安区空气细菌和真菌绝对丰度最高, 并与其他 3 个行政区有显著性差异。在冬季, 厦门岛细菌绝对丰度平均值最低, 真菌最高, 并且与其他 3 个行政区有显著性差异。采样点不同半径范围内“绿色空间”占比与细菌绝对丰度存在显著相关($P<0.01$)。细菌绝对丰度与大气多个环境参数(NO₂、PM_{2.5}、SO₂、温度和相对湿度)有

资助项目: 中国科学院国际合作局国际伙伴计划(132C35KYSB20200007); 宁波市公益性科技计划(2021S081)

This work was supported by the International Partnership Program of Chinese Academy of Sciences (132C35KYSB20200007), and the Ningbo Public Welfare Science and Technology Program (2021S081).

*Corresponding authors. E-mail: LI Jiangwei, jwli@iue.ac.cn; HU Anyi, ayhu@iue.ac.cn

Received: 2023-08-22; Accepted: 2023-11-09; Published online: 2024-02-02

显著相关, 而真菌仅与温度有显著正相关($P<0.01$)。群落组成分析表明, 厦门岛和同安区的优势菌群无明显的时空变异。冬季潜在病原菌的绝对丰度显著高于夏季($P<0.001$), 工业区显著高于公园($P<0.05$)。【结论】与全国其他城市相比, 厦门市空气微生物的绝对丰度较低; 空气细菌与真菌绝对丰度具有明显的空间差异; 空气细菌绝对丰度具有明显的季节差异; 厦门空气细菌和真菌的绝对丰度与环境因子息息相关, 但其关键影响因子不尽相同。厦门岛和同安区的菌群组成具有较为稳定的时空分布特征, 但潜在病原菌的风险冬季高于夏季, 工业区高于公园。

关键词: 空气微生物; 丰度; 实时荧光定量 PCR; 时空分布; 影响因素

Spatiotemporal distribution and influencing factors of airborne microbes in Xiamen of China

LIAO Mingyu^{1,3}, LI Jiangwei^{*1,2}, LI Laiyi^{1,2}, YE Hong^{4,6}, CUI Shenghui⁴, HONG Youwei⁵, YU Changping¹, HU Anyi^{*1,2}

1 Key Laboratory of Urban Pollutant Conversion, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, Fujian, China

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

3 College of Resources and Environment, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, Fujian, China

4 Key Laboratory of Urban Pollutant Conversion, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, Fujian, China

5 Chinese Academy of Sciences Center for Excellence in Regional Atmospheric Environment, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, Fujian, China

6 Ningbo (Beilun) Zhongke Haixi Industrial Technology Innovation Center, Ningbo 315800, Zhejiang, China

Abstract: [Background] The abundance of airborne microbes in urban environments, as well as their community composition, dispersion and transmission, are influenced by diverse factors such as regional environmental and meteorological conditions, which have profound impacts on the urban environmental security and the health of local residents. **[Objective]** To investigate the spatiotemporal distribution characteristics of the abundance and community composition of airborne bacteria and fungi in different urban functional zones and administrative districts of Xiamen in Fujian, explore the main influencing factors of the spatiotemporal distribution of airborne microbes, and evaluate the potential risks of pathogens. **[Methods]** This study employed a large-capacity sampler to collect bioaerosol samples from several urban functional zones of Xiamen in the summer of 2021 and the winter of 2022. Real-time quantitative PCR was employed to study the absolute abundance of airborne bacteria and fungi in different functional zones and administrative districts, and their correlations with environmental factors were analyzed; The composition of bacterial communities in Xiamen Island and Tongan district was analyzed by metagenome sequencing, and the risk of potential pathogens was evaluated. **[Results]** The bacterial absolute abundance was different between winter and summer ($P<0.001$), with the that in winter (average 2.17×10^5 copies/ m^3) being approximately one order of magnitude higher than that in summer (average 3.18×10^4 copies/ m^3). The bacterial

absolute abundance was the lowest in the parks and the highest in the industrial areas. The fungal absolute abundance showed no significant difference between the winter and summer, with that in summer (average 4.24×10^3 copies/m³) being higher than that in winter (average 8.95×10^2 copies/m³), and the lowest was observed in the parks. In summer, the absolute abundance of bacteria and fungi were the highest in Tongan district, which was significantly different from those in the other three administrative districts. In winter, Xiamen Island had the lowest average bacterial absolute abundance and the highest fungal absolute abundance, which showed significant differences from those in other three administrative districts of Xiamen. Within different radius ranges of sampling sites, the proportion of green space had a correlation ($P < 0.01$) with bacterial absolute abundance. The bacterial absolute abundance showed significant correlations with environmental factors such as NO₂, PM_{2.5}, SO₂, temperature, and relative humidity. However, the fungal abundance only showed positive correlations with temperature ($P < 0.01$). The community composition results revealed that the dominant bacteria in Xiamen Island and Tongan did not exist the significant spatiotemporal variation. The absolute abundance of potential pathogens was significantly higher in winter than in summer ($P < 0.001$) and higher in industrial areas than in parks ($P < 0.05$). **[Conclusion]** The absolute abundance of airborne microbes in Xiamen was at a low level compared with that in other cities in China. The absolute abundance of airborne bacteria and fungi showed significant spatial variations. The airborne bacterial absolute abundance exhibited significantly seasonal differences; The absolute abundance distribution of airborne bacteria and fungi in Xiamen showed closely relations with environmental factors, with the main influencing factors being different. The bacterial community composition showed relatively stable spatiotemporal distribution in Xiamen Island and Tongan, however, the risk of potential pathogens was higher in winter than in summer and higher in industrial areas than in parks.

Keywords: airborne microbes; abundance; real-time quantitative PCR; spatiotemporal distribution; influencing factors

悬浮于大气的固体和液体中含有微生物或其代谢物质(包括细菌、真菌、病毒、尘螨、花粉、孢子和动植物碎片等)等具有生命活性的微小粒子统称为生物气溶胶^[1-2]。生物气溶胶约占大气颗粒物(particulate matter, PM)的 30%, 在原始热带雨林大气中甚至高达 80%^[3]。其来源和分布广泛, 有相当部分是由陆地和水生环境的自然或者人为活动所产生^[4-5]。由于其固有的生物属性, 生物气溶胶在地球生态系统, 尤其是大气环境、生物圈、气候和公众健康之间的相互作用中扮演着至关重要的角色。生物气溶

胶可间接作为云凝结核和冰核, 导致云滴和冰晶的形成, 在雨雪的形成过程中发挥着非常重要的功能, 并且可通过直接散射或吸收太阳能辐射在全球气候变化中起着至关重要的作用^[6]。生物气溶胶颗粒在空气中停留时间从几个小时到数周不等, 主要通过干沉降和湿沉降的方式落地, 其中具有生物繁殖和代谢能力的生物活性粒子可能会产生更多的生物气溶胶粒子^[7]。因此, 自然界中生物气溶胶的生成和传输过程在生物地球化学循环中具有重要意义。生物气溶胶除了在自然环境中起到重要的气候调节和

促进物质循环等作用,对人体健康的效应也是不容忽视的。已有研究表明接触生物气溶胶与多种疾病有关,包括多种呼吸道传染病、急性毒性效应、过敏和癌症等^[8]。目前已有专家学者证明,在2020年初新型冠状病毒疫情全球暴发时,生物气溶胶携带新型冠状病毒可以经空气传播,从而引起大规模的感染,给世界人民造成不可磨灭的损失和伤害^[9-10]。以上事件让人们意识到了生物气溶胶研究的迫切性,并逐步成为了国际环境科学的研究热点之一。

城市是人类聚集活动最为频繁的区域,其中生物气溶胶的来源、微生物的丰度、群落组成及其传输、扩散深刻影响着城市环境安全和居民健康。前期研究表明,中国青岛地区空气中总微生物的绝对丰度约为 $8.49 \times 10^4 - 2.11 \times 10^6 \text{ cells/m}^3$ ^[11]。在北京雾霾事件中,PM_{2.5}和PM₁₀样品中细菌和真核生物的相对丰度占比可达90%。美国丹佛、中国香港等6个城市的公共交通空气微生物研究表明,不同城市的公共交通空气微生物菌群具有显著差异^[12]。有研究学者利用培养和高通量测序相结合的方法对南京的城市住宅气溶胶进行研究,发现夏季可培养细菌丰度 $[(854 \pm 425) \text{ CFU/m}^3]$ 显著高于冬季 $[(231 \pm 175) \text{ CFU/m}^3]$,但不同居室间差异较小,80%以上的可培养细菌($<4.7 \mu\text{m}$)可穿透下呼吸道^[13]。空气中的微生物,尤其病原菌,可对人类健康造成威胁。Ezquerro等研究发现,病原菌属 *Kocuria* 和 *Paracoccus* 在旱季和雨季均占优势,可能对城市居民造成一定的健康风险^[14]。城市区域的生物气溶胶来源与分布均十分广泛,且微生物成分较为复杂。为了更好地认识空气微生物尤其是病原微生物对人类健康的潜在威胁,我们有必要深入研究城市空气微生物的时空分布规律及其影响因素。

城市空气微生物的丰度及其传输扩散会受到多种微观和宏观因素的影响,例如土地利

用、排放源、颗粒大小、空气湿度、风速和温度等^[6,15-16]。随着城市经济发展,未来35年的所有人口增长预计将发生在城市地区,居住在城市的人口比例将达到约66%^[17]。然而居民福祉与城市功能区的合理规划(如绿地空间)息息相关。此外,城市空间的合理规划可通过影响空气微生物影响居民的身心健康^[18]。有研究表明,不同功能区(森林、农业用地和城市地区)的空气微生物群落有着显著差异^[19-20]。有研究显示,细菌和真菌的相对丰度随着绿地的增加而显著降低^[21]。此外,农业和城市地区空气真菌绝对丰度随着气温、相对湿度或降雨量的增加而增加^[22]。Wang等利用可培养技术研究发现,真菌是青岛市可培养微生物的优势类群^[23]。虽然,目前以上研究促进了我们对城市空气微生物分布特征的认识,但由于取样范围、研究方法等方面的局限性^[24],仍需进一步结合大尺度野外观测和分子生物学技术,深入研究城市空气微生物的时空分布规律及其影响因素。

本研究采用大容量气溶胶采样器,以厦门市多个功能区为研究对象,分别于2021年夏季和2022年冬季采集了生物气溶胶样品,利用实时荧光定量PCR (real-time quantitative PCR, RT-qPCR) 技术初步探讨了厦门市不同区域的空气细菌和真菌绝对丰度的时空分布特征及其影响因素,尤其是绿色用地对其的影响,并利用宏基因组测序技术分析了部分地区空气细菌的群落组成,开展了潜在病原菌的暴露风险评估,以期为后续的城市规划和设计提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 采样点概述

福建省厦门市($24^{\circ}23' - 24^{\circ}54' \text{N}$, $117^{\circ}53' - 118^{\circ}26' \text{E}$)位于中国东南沿海地区,属亚热带海洋季风气候,夏季高温多雨、冬季相对温暖干燥。厦门分

为城区(思明区及湖里区)和郊区(集美区、海沧区、同安区及翔安区)。其中厦门岛无典型重工业区,城市化和经济发展水平最高;而同安区工业区最多,城市化和经济发展水平相对较低。本文以厦门岛(思明区和湖里区)、集美区、同安区

及海沧区布设空气微生物采样点。根据多个区域半径 500 m 左右范围内城市功能特征和绿地占比布设了 57 个采样点,覆盖 4 个主要典型城市功能区:工业区($n=14$)、居民区($n=14$)、道路($n=13$)和公园($n=16$)(表 1)。

表 1 采样站点信息

Table1 The information of sampling sites

| 行政区域 | 功能区 | 采样地点 | 经度 | 纬度 |
|------------------------|------------------|----------------|---------------|---------------|
| Administrative regions | Functional areas | Sampling sites | Longitude (°) | Latitude (°) |
| 厦门岛 Xiamen island | 道路 Street | D1 | 118.085 392 6 | 24.459 530 26 |
| | 道路 Street | D4 | 118.100 388 9 | 24.485 993 15 |
| | 道路 Street | D7 | 118.148 088 7 | 24.489 477 49 |
| | 公园 Park | D2 | 118.084 238 8 | 24.461 251 77 |
| | 公园 Park | D5 | 118.100 695 7 | 24.480 105 77 |
| | 公园 Park | D8 | 118.146 578 7 | 24.485 935 10 |
| | 公园 Park | D12 | 118.093 225 5 | 24.451 343 67 |
| | 居民区 Residence | D3 | 118.085 936 2 | 24.457 920 34 |
| | 居民区 Residence | D6 | 118.105 476 8 | 24.482 043 58 |
| | 居民区 Residence | D9 | 118.157 544 6 | 24.494 431 56 |
| | 居民区 Residence | D11 | 118.176 073 0 | 24.476 271 00 |
| | 工业区 Industry | D10 | 118.152 062 0 | 24.490 956 00 |
| 同安区 Tongan | 道路 Street | T1 | 118.151 630 0 | 24.718 569 00 |
| | 道路 Street | T4 | 118.140 460 7 | 24.709 108 90 |
| | 道路 Street | T7 | 118.159 604 0 | 24.685 130 00 |
| | 公园 Park | T2 | 118.153 241 6 | 24.722 050 22 |
| | 公园 Park | T8 | 118.161 379 0 | 24.682 855 00 |
| | 公园 Park | T14 | 118.129 272 6 | 24.725 166 84 |
| | 公园 Park | T16 | 118.038 724 9 | 24.853 036 55 |
| | 居民区 Residence | T3 | 118.154 671 3 | 24.718 422 95 |
| | 居民区 Residence | T5 | 118.139 549 6 | 24.711 659 42 |
| | 居民区 Residence | T9 | 118.158 789 1 | 24.680 034 86 |
| | 工业区 Industry | T6 | 118.136 875 3 | 24.708 395 69 |
| | 工业区 Industry | T10 | 118.153 317 7 | 24.681 405 02 |
| | 工业区 Industry | T11 | 118.124 995 9 | 24.719 100 57 |
| | 工业区 Industry | T12 | 118.118 641 3 | 24.704 571 01 |
| | 工业区 Industry | T13 | 118.113 606 8 | 24.655 175 35 |
| 海沧区 Haicang | 道路 Street | H1 | 117.989 788 5 | 24.492 770 97 |
| | 道路 Street | H5 | 118.024 610 2 | 24.497 760 35 |
| | 道路 Street | H9 | 118.029 782 3 | 24.454 002 08 |
| | 公园 Park | H2 | 117.968 232 0 | 24.489 324 00 |
| | 公园 Park | H6 | 118.024 967 1 | 24.499 810 65 |

(待续)

(续表 1)

| 行政区域 Administrative regions | 功能区 Functional areas | 采样地点 Sampling sites | 经度 Longitude (°) | 纬度 Latitude (°) |
|--------------------------------|-------------------------|------------------------|---------------------|--------------------|
| 集美区 Jimei | 公园 Park | H10 | 118.031 604 0 | 24.472 372 00 |
| | 居民区 Residence | H3 | 117.984 907 0 | 24.485 445 00 |
| | 居民区 Residence | H7 | 118.027 260 4 | 24.498 012 08 |
| | 居民区 Residence | H11 | 118.028 111 4 | 24.455 104 78 |
| | 工业区 Industry | H4 | 117.990 459 0 | 24.494 154 21 |
| | 工业区 Industry | H8 | 118.007 567 6 | 24.522 572 03 |
| | 工业区 Industry | H12 | 118.026 269 2 | 24.452 469 32 |
| | 道路 Street | J1 | 118.026 577 2 | 24.567 480 48 |
| | 道路 Street | J5 | 118.050 322 0 | 24.572 601 00 |
| | 道路 Street | J9 | 118.090 025 6 | 24.596 096 57 |
| | 道路 Street | J13 | 118.092 202 7 | 24.581 131 72 |
| | 公园 Park | J2 | 118.027 393 2 | 24.566 213 15 |
| | 公园 Park | J6 | 118.048 003 0 | 24.571 885 00 |
| | 公园 Park | J10 | 118.086 036 1 | 24.609 027 78 |
| | 公园 Park | J14 | 118.094 629 6 | 24.580 242 49 |
| | 公园 Park | T15 | 118.019 918 6 | 24.685 298 28 |
| | 居民区 Residence | J3 | 118.024 442 7 | 24.566 359 30 |
| | 居民区 Residence | J7 | 118.050 981 3 | 24.569 169 02 |
| | 居民区 Residence | J11 | 118.089 860 7 | 24.591 275 75 |
| | 居民区 Residence | J15 | 118.093 334 2 | 24.580 729 76 |
| | 工业区 Industry | J4 | 118.026 768 9 | 24.564 961 76 |
| | 工业区 Industry | J8 | 118.053 649 4 | 24.572 327 89 |
| | 工业区 Industry | J12 | 118.091 783 7 | 24.597 217 05 |
| | 工业区 Industry | J16 | 117.977 527 5 | 24.596 542 94 |
| | 工业区 Industry | J17 | 118.031 839 7 | 24.588 986 74 |

1.2 主要试剂和仪器

无菌矿物油, 默克西格玛奥德里奇(上海)贸易有限公司; 吐温-20 溶液, 北京索莱宝科技有限公司; DNeasy® PowerLyzer® PowerSoil® Kit, 凯杰企业管理(上海)有限公司; SYBR Green I Master, 罗氏诊断产品(上海)有限公司; NEBNext® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina®, 纽英伦生物技术(北京)有限公司; Illumina PE Cluster Kit, 因美纳(中国)科学器材有限公司。LightCycler480II 实时 PCR 系统, 罗氏诊断产品(上海)有限公司; 大流量生物气溶胶采样器 HighBioTrap, 北京鼎蓝科技有限公司。

1.3 样品采集与预处理

在夏季 2021 年 8 月 22 日至 9 月 1 日和冬季 2022 年 1 月 2 日至 9 日期间, 上午和下午利用 HighBioTrap 采样器在各采样点分别采集 1 h 的空气样品, 混匀, 每点采集 2 d, 共收集 228 个空气微生物样品。采样期间天气气象条件稳定, 多为晴天。

采样步骤和方法: 打开培养皿, 利用移液枪向培养皿中添加 2 mL 无菌矿物油, 并均匀涂布在培养皿底部, 放置在采样器中, 采样器架设在约 1.5 m 高的三脚架上, 设置采集时间 1 h, 记录采集开始和结束时间。采样结束后, 加入 1.5 mL

PBS 和 2–3 滴吐温-20 溶液, 用移液枪不断抽吸混匀后全部转移到 15 mL 无菌离心管中。再次向培养皿中加入 1 mL PBS 溶液冲洗, 直至冲洗干净, 然后将培养皿中所有混合物转移到 15 mL 离心管中, 并在采样结束后置于–20 °C 冰箱保存备用。

样品预处理: 将包含气溶胶样品的 15 mL 离心管置于离心机中 7 000×g 离心 7 min 去除上层油层, 并混匀剩余液体, 分装样品。抽取 3/4 于 1.5 mL 离心管 13 000×g 离心 2 min, 去除上清液, 置于–20 °C 冰箱保存备用。样品 DNA 的提取按照 DNeasy® PowerLyzer® PowerSoil® Kit 说明书进行。

1.4 细菌 16S rRNA 基因和真菌 ITS 序列绝对丰度分析

采用 RT-qPCR 技术测定细菌 16S rRNA 基因和真菌内源转录间隔区(internally transcribed spacer, ITS)序列的绝对丰度, 16S rRNA 基因的引物为 16S_F (5'-GGGTTGCGCTCGTTGC-3')和 16S_R (5'-ATGGYTGTCGTCAGCTCGTG-3'), 真菌 ITS 序列的引物为 ITS1_F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2_R (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')。扩增程序在 LightCycler480II 实时 PCR 系统中进行。反应体系: 2×SYBR Green I Master 10 μL, 正、反向引物(1 μmol/L)各 0.8 μL, Bovine Serum Albumin (20 mg/mL) 0.5 μL, 模板 DNA 2 μL, ddH₂O 5.9 μL。RT-qPCR 反应条件: 95 °C 180 s; 95 °C 5 s, 72 °C 30 s, 45 次循环; 72 °C 10 min。针对细菌 16S rRNA 基因和真菌 ITS 序列分别构建标准曲线, 利用 Excel 2019 进行数据处理, 根据定量循环的交点(crossing point, CP)值计算基因和序列拷贝数。

1.5 细菌的宏基因组测序分析

选择厦门岛和同安区共 45 个空气微生物样

品开展宏基因组测序分析, 解析空气细菌群落组成, 并评估潜在病原菌的暴露风险。选取质量合格的基因组 DNA, 使用 NEBNext® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina® 生成测序文库, 并添加索引。使用 Illumina PE Cluster Kit 在 cBot Cluster Generation System 上对索引编码的样本进行聚类。随后将 DNA 文库在 Illumina 平台上进行宏基因组测序, 生成 150 bp 双端序列。测序数据利用 kneaddata 软件进行质量控制, 进而使用标准的 Kraken2 数据库在 Kraken2 v2.0.8-beta 和 Bracken v2.5.0 中进行细菌物种注释, 并将注释结果与病原菌数据库进行比对分析^[25], 结合细菌 16S rRNA 基因绝对丰度和潜在病原菌占比换算得出潜在病原菌的绝对丰度。

1.6 环境数据获取

从采样点邻近的厦门市国控点获取实时的 PM_{2.5}、PM₁₀、O₃、CO、NO₂、SO₂、风速(wind speed, WS)、温度(temperature, T)和相对湿度(relative humidity, RH)的气象数据。

1.7 数据统计与分析

按照参考文献[26], 利用 Arc GIS v10.4.1 确定每个采样点不同半径缓冲区(50、100、200 和 300 m)内不同城市功能区的面积, 并利用 Excel 2007 划分统计“工业、居住、草地、林地、水域和裸地”这 6 个主要土地利用类型。在 R v4.1.2 中采用 R 包 ggpubr 的 Wilcoxon.test 函数开展差异性分析, 绘制箱线图。采用 psych 包开展 Spearman 相关分析。采用 microeco 包绘制细菌组成的相对丰度堆积柱状图, 采用 R 包 pheatmap 和 ComplexHeatmap 展示细菌的相对丰度热图。

2 结果与分析

2.1 空气细菌绝对丰度的时空分布特征

2.1.1 不同季节空气细菌绝对丰度分布

本研究测得的厦门市夏季细菌绝对丰度为 4.40×10^2 – 1.63×10^6 copies/m³, 平均值为

$(3.18 \pm 15.2) \times 10^4$ copies/m³。在冬季,空气细菌绝对丰度范围为 2.32×10^3 – 2.61×10^6 copies/m³,平均值为 $(2.17 \pm 3.16) \times 10^5$ copies/m³,比夏季高出1个数量级左右。如图1A所示,夏冬季厦门市的空气细菌绝对丰度存在显著差异($P < 0.001$):冬季>夏季。

2.1.2 不同功能区的空气细菌绝对丰度分布

在夏季,工业区的空气细菌绝对丰度最高,平均丰度为 $(8.06 \pm 30.4) \times 10^4$ copies/m³,高于道路的 $(1.95 \pm 2.07) \times 10^4$ copies/m³ 和居民区的 $(1.87 \pm 2.21) \times 10^4$ copies/m³,公园的细菌绝对丰度最低,为 $(1.05 \pm 1.29) \times 10^4$ copies/m³。统计分析表明,夏季公园空气细菌绝对丰度显著低于其他3个功能区(图1B, $P < 0.05$)。

与夏季类似,冬季工业区的空气细菌绝对丰度最高,为 $(4.06 \pm 5.08) \times 10^5$ copies/m³,高于道路的 $(2.03 \pm 2.49) \times 10^5$ copies/m³ 和居民区的 $(1.96 \pm 1.92) \times 10^5$ copies/m³,而公园空气细菌绝对丰度最低 $(8.00 \pm 8.02) \times 10^4$ copies/m³。统计分析表明,除居民区与道路之外,其他功能区之间的空气细菌绝对丰度有着显著差异(图1C)。

2.1.3 不同行政区内的空气细菌绝对丰度分布

夏季,同安区的空气细菌绝对丰度最高,约为 $(8.05 \pm 29.3) \times 10^4$ copies/m³,高于厦门岛的 $(1.78 \pm 2.22) \times 10^4$ copies/m³ 和集美区的 $(1.42 \pm 1.34) \times 10^4$ copies/m³,而海沧区最低,为 $(1.12 \pm 0.98) \times 10^4$ copies/m³。统计分析表明,同安区的细菌环境绝对丰度与其他行政区存在显著差异(图1D, $P < 0.05$)。

与夏季不同,冬季集美区的空气细菌绝对丰度最高,为 $(3.30 \pm 4.86) \times 10^5$ copies/m³,高于同安区的 $(2.13 \pm 1.68) \times 10^5$ copies/m³ 和海沧区的 $(1.95 \pm 2.23) \times 10^5$ copies/m³,而厦门岛最低。统计分析表明,厦门岛空气细菌绝对丰度显著低于其他地区(图1E, $P < 0.05$)。

2.2 空气真菌绝对丰度的分布特征

2.2.1 不同季节空气真菌绝对丰度分布

如图2A所示,不同季节空气真菌绝对丰度分布无显著差异。夏季真菌绝对丰度范围为 8.19×10^0 – 5.27×10^4 copies/m³,平均丰度为 $(4.24 \pm 8.26) \times 10^3$ copies/m³;而在冬季,真菌绝对丰度范围为 3.90×10^0 – 5.70×10^3 copies/m³,平均丰度为 $(8.95 \pm 9.56) \times 10^2$ copies/m³。

2.2.2 不同功能区类型的空气真菌绝对丰度分布

夏季空气真菌平均绝对丰度最高出现在道路,为 $(5.34 \pm 12.20) \times 10^3$ copies/m³,高于工业区的 $(4.85 \pm 6.22) \times 10^3$ copies/m³ 与居民区的 $(4.30 \pm 8.85) \times 10^3$ copies/m³,而公园空气真菌的绝对丰度最低。统计分析显示,仅公园和工业区空气真菌的绝对丰度有着显著差异(图2B, $P < 0.05$)。

与夏季不同,冬季空气真菌的最低绝对丰度出现在道路,为 $(6.50 \pm 5.19) \times 10^2$ copies/m³,与在公园大致相当,小于居民区的 $(1.06 \pm 1.29) \times 10^3$ copies/m³ 和工业区的 $(1.18 \pm 0.96) \times 10^3$ copies/m³。统计分析表明,工业区与公园、道路的空气真菌绝对丰度有着显著差异(图2C, $P < 0.05$)。

2.2.3 不同行政区内的空气真菌绝对丰度分布

夏季,不同行政区空气真菌的平均丰度由高到低依次为同安区 $(9.52 \pm 12.8) \times 10^3$ copies/m³,厦门岛 $(5.11 \pm 7.47) \times 10^3$ copies/m³,集美区 $(1.83 \pm 2.81) \times 10^3$ copies/m³,海沧区的 $(4.08 \pm 5.00) \times 10^2$ copies/m³。统计分析表明,同安区空气真菌绝对丰度与其他地区均有着显著差异,而海沧区与集美区的空气真菌绝对丰度也存在显著性差异(图2D)。

与夏季不同,冬季不同地区空气真菌的绝对丰度从高到低依次为:厦门岛 $(1.57 \pm 1.31) \times 10^3$ copies/m³、

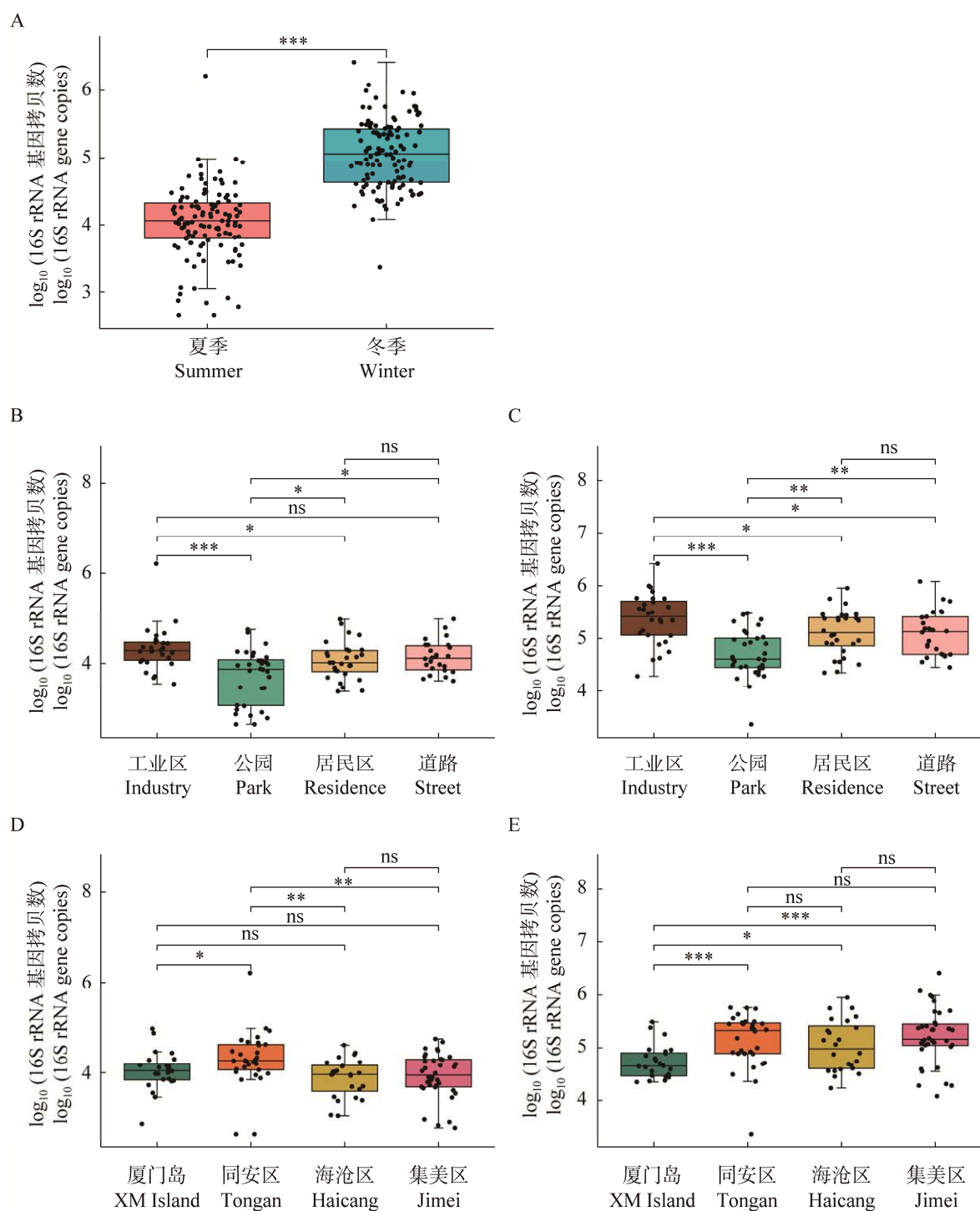


图 1 不同分组的空气细菌绝对丰度分布 A: 夏季和冬季. B: 夏季不同城市功能区. C: 冬季不同城市功能区. D: 夏季不同行政区. E: 冬季不同行政区. ***: $P < 0.001$; **: $P < 0.01$; *: $P < 0.05$; ns: $P > 0.05$

Figure 1 The absolute abundance of airborne bacterial in different groups. A: Summer and winter. B: Different urban functional areas in summer. C: Different urban functional areas in winter. D: Different administrative areas in summer. E: Different administrative areas in winter. * and ns indicate whether the test has statistical significance. ***: $P < 0.001$; **: $P < 0.01$; *: $P < 0.05$; ns: $P > 0.05$.

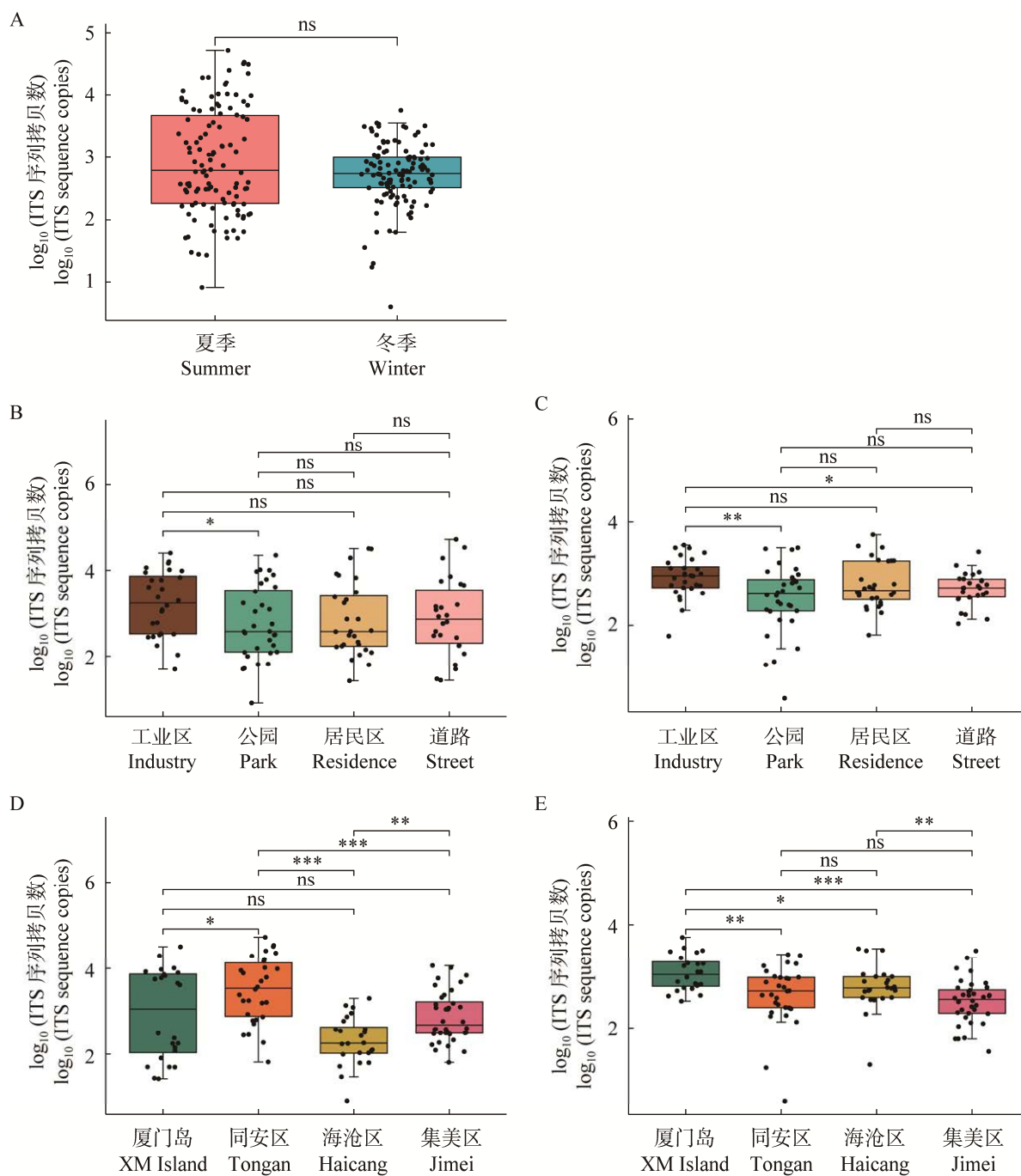


图 2 不同分组的空气真菌绝对丰度分布 A: 夏季和冬季. B: 夏季不同城市功能区. C: 冬季不同城市功能区. D: 夏季不同行政区. E: 冬季不同行政区. ***, $P < 0.001$; **, $P < 0.01$; *, $P < 0.05$; ns: $P > 0.05$

Figure 2 The absolute abundance of airborne fungal in different groups. A: Summer and winter. B: Different urban functional areas in summer. C: Different urban functional areas in winter. D: Different administrative areas in summer. E: Different administrative areas in winter. * and ns indicate whether the test has statistical significance. ***, $P < 0.001$; **, $P < 0.01$; *, $P < 0.05$; ns: $P > 0.05$.

海沧区 $(9.36 \pm 9.48) \times 10^2$ copies/m³、同安区 $(7.65 \pm 7.09) \times 10^2$ copies/m³、集美区 $(5.28 \pm 6.32) \times 10^2$ copies/m³。统计分析表明,厦门岛空气真菌绝对丰度与同安区($P < 0.01$)、海沧区($P < 0.05$)和集美区($P < 0.001$)这3个区之间存在显著性差异,这和空气细菌绝对丰度分布特征较为相似(图2E)。

2.3 土地利用类型对空气微生物绝对丰度的影响

Spearman 相关性分析显示,缓冲区的“林地”占比和空气细菌绝对丰度呈现显著负相关(图

3A),而在50 m ($P < 0.05$)和100 m ($P < 0.01$)半径的缓冲区内,“草地”占比也与空气细菌绝对丰度呈现显著负相关。在半径300 m内工业区面积占比与细菌绝对丰度有着显著正相关($P < 0.01$)。此外,水域占比(50 m)和工业区占比(100 m)分别与空气真菌绝对丰度有着显著负相关和正相关($P < 0.05$)。

如图3B所示,我们将“草地+林地”定位为缓冲区内的“绿色空间”。Spearman 相关性分析表明,绿地占比与空气细菌绝对丰度有着显著负相关($P < 0.01$),说明高植被覆盖率可能会降低空气中的细菌绝对丰度。

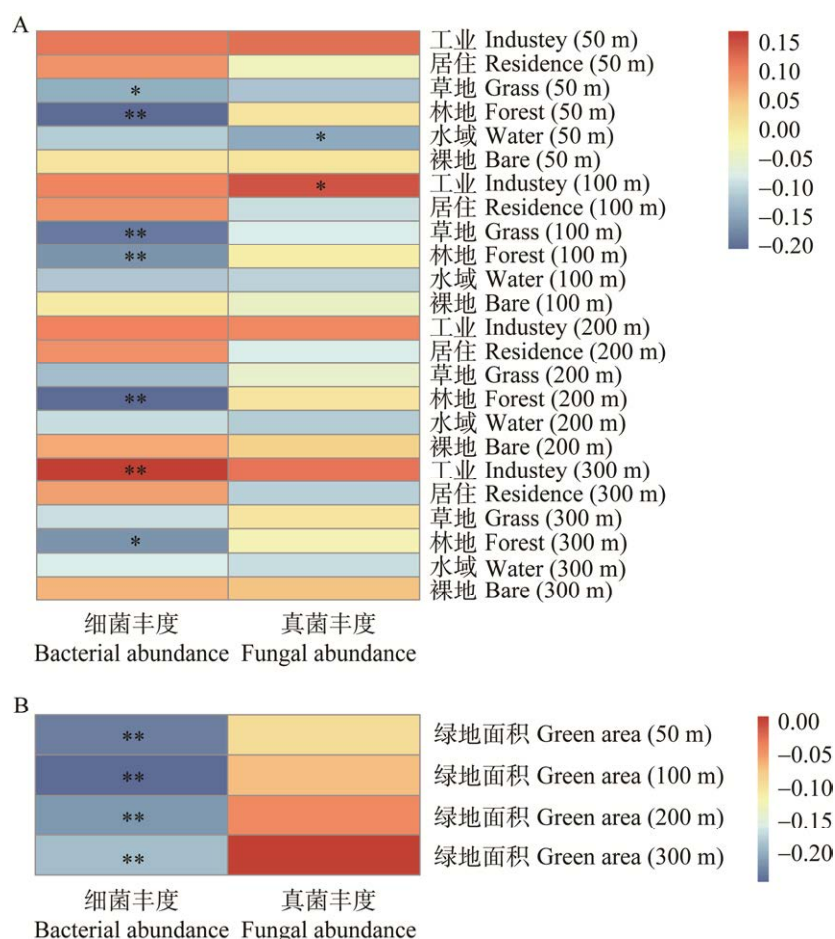


图3 土地利用类型与空气细菌和真菌绝对丰度的相关性分析 A: 不同半径范围. B: 绿色空间.

***: $P < 0.001$; **: $P < 0.01$; *: $P < 0.05$; ns: $P > 0.05$

Figure 3 Correlation analysis of the proportions of land use area and the absolute abundance of bacteria and fungi. A: Different radii. B: Area of "green space" sites. ***: $P < 0.001$; **: $P < 0.01$; *: $P < 0.05$; ns: $P > 0.05$.

2.4 空气微生物绝对丰度与环境因子相关性分析

空气微生物绝对丰度与环境因子相关性分析结果如图 4 所示, 空气细菌绝对丰度与大气 NO_2 和 $\text{PM}_{2.5}$ 浓度显著正相关($P<0.01$), 而与 SO_2 浓度($P<0.05$)、RH ($P<0.01$)和 T ($P<0.01$)呈显著负相关, 仅 T 与空气真菌绝对丰度有显著正相关($P<0.01$)。

2.5 空气细菌群落组成和潜在病原菌风险

宏基因组测序分析表明, 厦门市 45 个空气微生物样本中共分布有 56 个细菌门 249 个细菌目和 2 042 个细菌属。在门分类水平上, 优势类群为 *Pseudomonadota* 和 *Actinomycetota*, 分别约占总群落的 46.14%和 41.89% (图 5), 其在时间(季节)和空间尺度(行政区和功能区)上均没有较大差异。

在属分类水平上, 链球菌属(*Streptomyces*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、诺卡氏菌属(*Nocardioide*s)和鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)为优势属(图 5C–5D)分别占 5.12%、4.92%、4.88%和 4.68%, 其分布无明显空间变异特征; 而在时间尺度(季节)上, 夏季 *Acinetobacter* 相对丰度最高(占比 5.03%), 而 *Streptomyces* 是冬季相对丰度最高的属(占比 5.17%)。

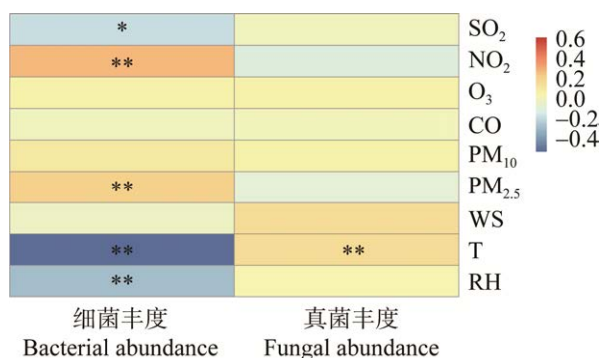


图 4 环境因子与细菌、真菌绝对丰度的相关性分析
Figure 4 Correlation analysis of the environmental factors and the absolute abundance of bacteria and fungi. ***: $P<0.001$; **: $P<0.01$; *: $P<0.05$; ns: $P>0.05$.

物种分类分析表明, 厦门空气样品中分布有 367 种潜在病原菌, 其中相对丰度前 30 的空气细菌中有 5 种潜在病原菌, 鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*)、氧化木糖无色杆菌(*Achromobacter xylosoxidans*)、大肠杆菌(*Escherichia coli*)、铜绿假单胞菌(*Pseudomonas aeruginosa*)和皮特不动杆菌(*Acinetobacter pittii*)的相对丰度和检出率较高(图 6)。其中 *Acinetobacter baumannii* 的相对丰度较高(约 0.03%)。统计分析表明, 冬季潜在病原菌的丰度显著高于夏季($P<0.001$); 潜在病原菌绝对丰度在行政区之间无显著差异, 而工业区显著高于公园($P<0.05$, 图 7)。

3 讨论

3.1 厦门市空气微生物绝对丰度特征

厦门地处我国东南部沿海, 平均海拔较低, 受热带海洋季风等影响, 大气中颗粒物扩散快, 不易积存, 空气微生物通常附着在颗粒物上迁移和扩散^[6]。然而厦门空气质量较好, 全年 $\text{PM}_{2.5}$ 浓度约为 $20 \mu\text{g}/\text{m}^3$ ^[27], 空气污染物和颗粒物含量较少, 使得空气中微生物丰度较低(厦门市空气细菌和真菌绝对丰度范围分别为 4.40×10^2 – 2.61×10^6 和 3.90×10^0 – $5.27\times 10^4 \text{ copies}/\text{m}^3$)。另外, 厦门市绿化面积和覆盖率(45.65%)相对较高, 而植物有吸附尘土、降低空气中颗粒物丰度的作用^[28], 以上原因可能导致厦门空气微生物丰度水平与空气质量较好的城市相当(如珠江和长江三角洲近海城市 $\text{PM}_{2.5}$ 中的细菌绝对丰度约为 10^3 – $10^4 \text{ copies}/\text{m}^3$ ^[29])。然而空气中颗粒物含量较高, 则会为微生物存活提供载体和营养^[30], 导致微生物绝对丰度水平较高。例如, 雾霾天气频发的山东泰安 $\text{PM}_{2.5}$ 中真菌绝对丰度较高(1.0×10^4 – $4.8\times 10^5 \text{ copies}/\text{m}^3$ ^[31]), 北京市的细菌绝对丰度约为 8.71×10^3 – $2.14\times 10^7 \text{ copies}/\text{m}^3$ ^[32]。

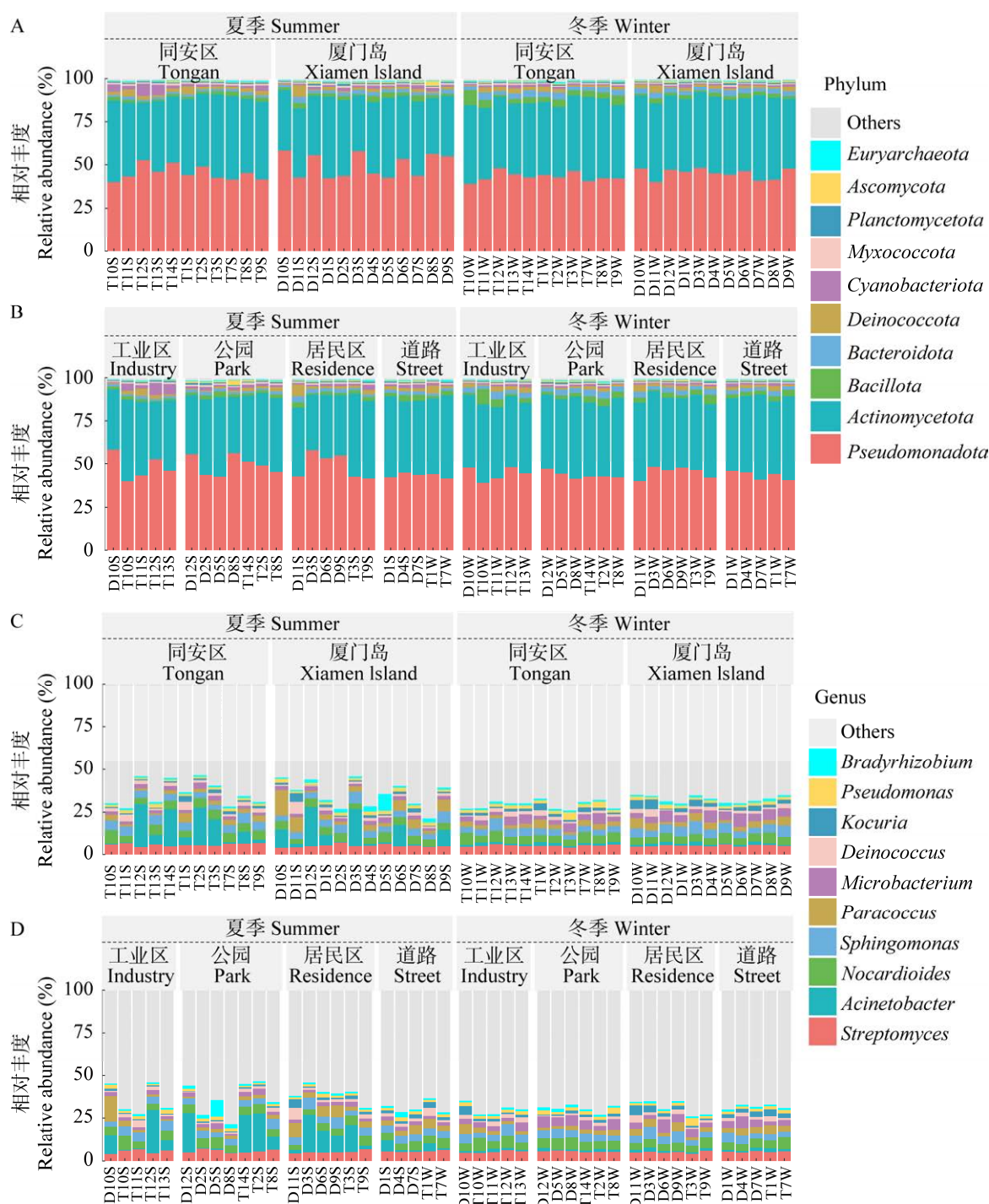


图 5 不同分组空气细菌群落组成 A: 不同行政区的门分类水平. B: 不同城市功能区的门分类水平. C: 不同行政区的属分类水平. D: 不同城市功能区的属分类水平

Figure 5 The composition of airborne bacteria in different groups. A: Phylum level in different administrative districts. B: Phylum level in different urban functional areas. C: Genus level in different administrative districts. D: Genus level in different urban functional areas.

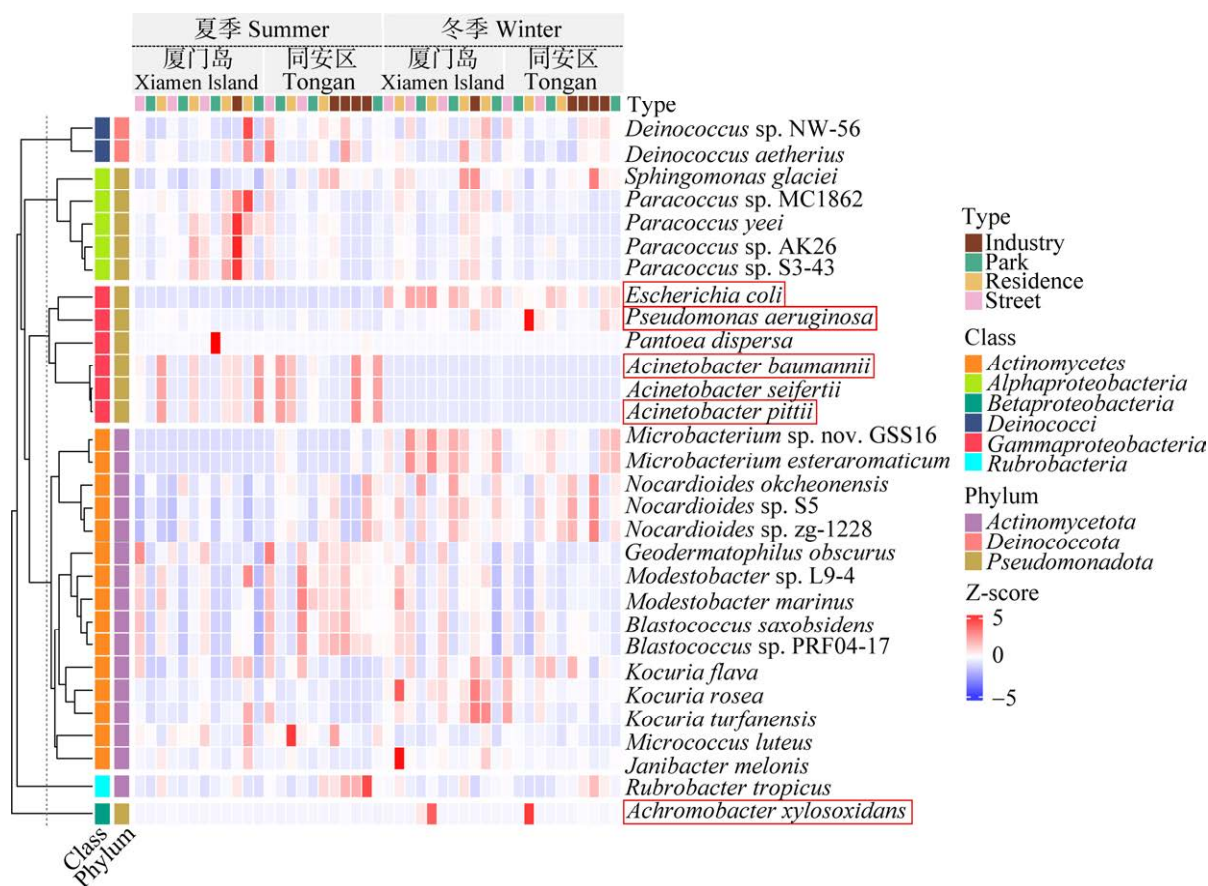


图 6 空气细菌中相对丰度前 30 的物种分布 框选为潜在病原菌

Figure 6 The distribution of the top 30 species (the relative abundance) in airborne bacteria (the boxes noted the pathogenic bacteria).

在空间尺度上, 厦门岛空气细菌的平均丰度最低 (4.53×10^4 copies/m³), 集美区最高 (1.71×10^5 copies/m³); 真菌平均丰度在海沧区最低 (6.72×10^2 copies/m³), 在同安区最高 (5.14×10^3 copies/m³)。这可能是多种因素综合影响的结果, 如不同地区经济发展水平不一、产业不同以及植被覆盖类型和面积存在差异等^[18,33-34]。

在时间尺度上, 厦门市夏季空气细菌绝对丰度显著低于冬季。厦门市属热带海洋季风气候, 夏季高温高湿, 冬季温暖干燥。Tang 的一项研究表明, 较高的温度 (>24 °C) 可能会降低空气中细菌的存活率^[35]。因此, 厦门市夏季的高温、强太阳辐射和紫外线, 可能导致了其空气细菌绝对丰度低于冬季。这一结果与空气细菌绝对丰

度-环境因子相关性分析结果相符, 也与其他学者的研究结果类似^[36-37]。由于空气真菌丰度可能主要受营养水平、植物生长和天气条件的影响^[38], 而厦门种植的植物种类较多, 且多为常绿植物^[39], 空气质量较好, 这可能导致了厦门空气真菌绝对丰度无明显的季节变化。

3.2 空气细菌绝对丰度在不同功能区和行政区的分布差异

在夏冬两季, 厦门空气细菌绝对丰度均在公园最低, 在工业区最高。工业区较频繁的工业生产活动会产生较多的大气颗粒物和污染物, 颗粒物为空气细菌提供附着/保护载体^[6], 使其免受紫外线照射等恶劣大气环境条件的影响, 而含氮等污染物可提供氮源和能量^[40]。相关性分析结

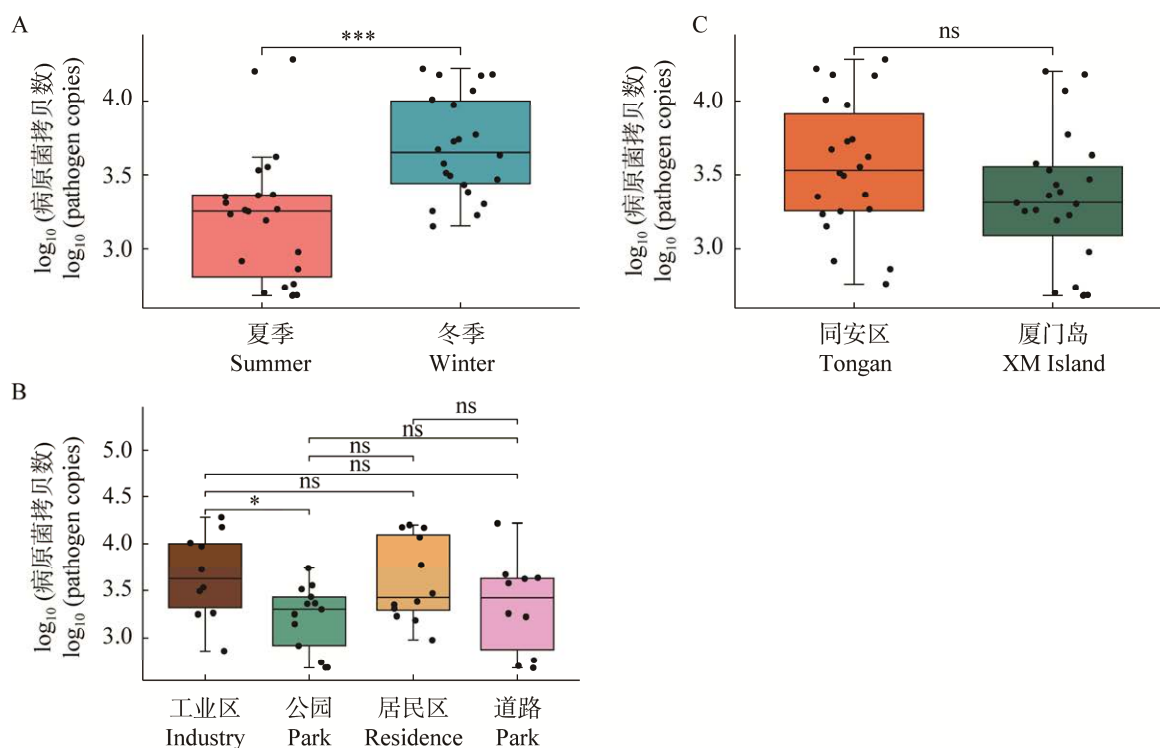


图 7 空气潜在病原菌的时空分布特征 A: 夏季和冬季; B: 同安区和厦门岛; C: 工业区、公园、居民区和道路。***: $P < 0.001$; **: $P < 0.01$; *: $P < 0.05$; NS: $P > 0.05$

Figure 7 Spatio-temporal distribution of potential airborne pathogens. A: Summer and winter. B: Tongan and Xiamen Island. C: Industry, parks, residence and street. ***: $P < 0.001$; **: $P < 0.01$; *: $P < 0.05$; NS: $P > 0.05$.

果说明了 $PM_{2.5}$ 、 NO_2 和空气细菌绝对丰度有着显著正相关。与夏季不同的是, 冬季工业区与道路的显著性差异表明, 冬季工业区工业生产活动可能释放更多的大气颗粒物, 空气细菌的排放水平会更高。对于公园区, 植被可能具有吸附大气颗粒物、降低大气细菌浓度的作用^[28], 其可能在冬季更为明显, 这可能导致了说明了冬季公园的空气细菌绝对丰度较低(低于其他 3 个功能区)。

夏季同安区的空气细菌绝对丰度显著高于其他 3 个行政区。如上所述, 这可能是由于同安区的工业生产活动释放的较多大气颗粒物和污染物导致的^[25]。与夏季不同, 冬季厦门岛的空气细菌绝对丰度显著低于其他 3 个行政区。厦门岛绿化程度较高且搬离了重工业区, 再加上冬季

空气流动性较弱, 这些因素可能综合导致了微生物绝对丰度较低的岛内大气环境。

3.3 空气真菌绝对丰度在不同功能区和行政区的分布差异

厦门空气真菌的时空分布格局与空气细菌有所不同。在夏季, 空气真菌在大气颗粒物较高的道路和工业区的绝对丰度要高于居民区和公园, 但仅工业区和公园的空气真菌绝对丰度有着显著差异($P < 0.05$)。工业区空气颗粒物来源较多, 其为真菌提供了适宜的附着小生境, 可能导致了工业区空气真菌绝对丰度高于公园。冬季也呈现类似的趋势, 工业区空气真菌绝对丰度显著高于其他 3 个功能区, 这可能是厦门冬季的空气流动较弱造成的。

不同行政区的空气真菌丰度时空分布格局与细菌类似。在夏季,同安区的空气真菌绝对丰度显著高于其他3个区。这可能是由于同安区的工业生产、城郊农业活动等因素导致的。与夏季不同,冬季厦门岛的空气真菌绝对丰度显著高于其他行政区。厦门岛采样区域里较高的植被覆盖程度可能是导致其空气真菌较高的原因。Qian等^[41]研究发现,青岛市绿化程度较高区域的空气真菌绝对丰度高于细菌,作者推测植物挥发性分泌物可能促进为空气真菌的生长提供了营养基质,促进真菌的增殖。此外,夏冬季海沧区和集美区的空气真菌绝对丰度均存在显著差异,这可能是由于两个地区的空气真菌来源、土地利用类型、居民活动和工业生产等方面的差异导致。

3.4 绿地空间对空气微生物绝对丰度的影响

以往研究发现,随着绿植覆盖率增加,细菌和真菌的病原菌相对丰度显著降低^[21]。Docherty等发现不透水地面面积的增加和其他土地利用的变化会影响大气的细菌群落组成^[42]。以上研究说明空气微生物会受到周边绿色空间等土地利用类型的影响。在本研究中,绿色空间对厦门空气细菌绝对丰度的影响要强于对真菌的影响。实际上,绿植的覆盖度、可接近度(居民能否接近绿植)、绿植中的树冠覆盖率等与空气微生物多样性和群落组成息息相关,是城市景观管理和公共卫生需要考虑的重要因素^[43]。然而,本研究发现,对于真菌来说,其绝对丰度更多受大气颗粒物的影响,工业活动会产生更多的大气颗粒物,尤其在相关性分析中,在半径100 m缓冲区内,真菌绝对丰度和工业区面积比例显著正相关。

3.5 空气微生物绝对丰度的影响因素

以往研究发现,诸多气象和环境因子,例如

微生物的环境来源、大气污染物、风速、大气温度、湿度等,影响空气微生物绝对丰度的时空分布特征。有研究发现,由 SO_2 、 NO_2 和CO转化而来的硫、氮和碳元素可以被大气微生物利用,作为营养元素生长^[29]。在空气微生物所有代谢过程中,发现最频繁的途径是氨化作用^[44]。这是因为有机氮作为氮的重要组成部分,较容易被微生物利用来获取能量和营养。Xie等发现大气颗粒物中高浓度的有毒有害物质对生物气溶胶有负面影响^[29]。本研究发现,空气细菌绝对丰度与大气 SO_2 和 NO_2 浓度分别呈现显著负相关和正相关,相关机制有待进一步研究确定。此外,Zhai等发现,细菌倾向于附着在小颗粒($\text{PM}_{2.5}$ 和 PM_{10})甚至超细颗粒上^[45]。这与本研究的发现一致,即 $\text{PM}_{2.5}$ 对厦门空气细菌绝对丰度有着正效应。

前人研究发现,在晴天,较高的空气湿度可以促进颗粒的“干沉积”过程。这是因为空气中的悬浮颗粒吸收了大气中的水分,导致颗粒的重量和尺寸增加,而较大尺寸的颗粒更容易被重力沉积^[32],本研究结果部分证实了这种影响:厦门空气细菌绝对丰度与大气相对湿度呈负相关。这可能是由于厦门高温多雨、湿度较大导致颗粒物含量降低而导致的。

3.6 空气细菌群落组成和潜在病原菌的风险评估

本研究发现厦门空气微生物中的优势菌群为假单胞菌门(*Pseudomonadota*)和放线菌门(*Actinomycetota*),它们是空气微生物中的常见的优势菌门^[6]。*Streptomyces*、*Acinetobacter*、*Nocardioide*s和*Sphingomonas*是厦门空气微生物中的优势属。优势菌群无明显的夏冬季演变特征,这与以往研究结果有着一定差异。Gandolfi等发现空气中的某些优势细菌会发生季节演替,如伯克霍尔德氏菌目(*Burkholderiales*)和放线菌

目(*Actinomycetales*)在较冷的季节占优势,而红杆菌目(*Rhodobacterales*)在温暖的季节丰度更高^[46]。Li 等研究发现厦门春季厚壁菌门(*Firmicutes*)与变形菌门(*Proteobacteria*)占优势^[47]。

本研究在空气微生物样品中共检出 367 种潜在病原菌,5 种潜在病原菌相对丰度较高,包括鲍曼不动杆菌、氧化木糖无色杆菌、大肠杆菌、铜绿假单胞菌和皮特不动杆菌。其中,鲍曼不动杆菌是临床上常见的耐药病原菌^[48]。皮特不动杆菌的耐药率和致病率相对较低,但会造成肺部感染^[49]。铜绿假单胞菌在人体分布广泛,在黏膜、上呼吸道、肠胃中经常检出,严重时可能引起系统感染、菌血症、心内膜炎等^[50];除了致病性之外,铜绿假单胞菌还是常见的多重耐药菌,是临床治疗中六大最危险的病原菌之一^[51-52]。本研究发现上述潜在病原菌在厦门空气样品中广泛检出,说明即使厦门空气质量较好,居民仍有暴露于空气病原微生物的风险。厦门冬季空气潜在病原菌绝对丰度显著高于夏季(图 7A),说明需进一步深入评估冬季空气病原菌可能造成的潜在健康风险。此外,也需进一步评估工业区的空气微生物的潜在健康风险(图 7B)。“剂量-毒性效应”是量化物质毒性的基本原则,空气病原菌的潜在风险除了与病原菌的种类有关外,还与潜在病原菌的绝对丰度息息相关。与以往文献对比发现,厦门市空气中潜在病原菌绝对丰度明显低于废水、土壤等其他城市环境^[53-54],因此其潜在病原菌风险也较其他环境低。此外,与雾霾常发的城市相比^[55],厦门市空气质量较好,可能导致了检测到的潜在病原菌的绝对丰度相对较低^[56]。

4 结论

本研究结果表明,厦门市空气细菌的绝对丰度有着明显的季节波动,冬季空气绝对细菌丰度

显著高于夏季,但夏冬季空气真菌的绝对丰度无显著差异。

基于功能区的空间分析表明,不同功能区(土地利用类型不同)的空气细菌与真菌绝对丰度有着显著性差异:植被覆盖率较高的公园中的空气细菌与真菌绝对丰度较低,而工业区的空气细菌与真菌绝对丰度较高,说明了“绿色空间”可能有助于调控城区中大气微生物的绝对丰度。基于行政区的空间分析表明,夏季同安区空气细菌和真菌显著高于其他 3 个行政区,而冬季厦门岛的空气细菌绝对丰度最低,真菌绝对丰度最高,与其他 3 个行政区存在显著差异。

环境因素影响分析表明,采样点周边的“绿色空间”占比与空气细菌呈显著负相关,强调了绿地规划对于调控大气微生物浓度的重要性。此外,相关分析表明,厦门市的空气细菌绝对丰度可能受大气 NO₂、PM_{2.5}、SO₂、温度和相对湿度的影响,而仅发现温度与空气真菌绝对丰度呈现显著相关。群落组成分析表明,厦门岛和同安区的优势菌群没有明显的时空演变趋势;潜在病原菌的暴露风险:冬季>夏季,工业区>公园。然而,厦门市的空气微生物浓度总体不高,其潜在风险还有待于后续研究进行深入评估。

REFERENCES

- [1] CHEN XY, KUMARI D, ACHAL V. A review on airborne microbes: the characteristics of sources, pathogenicity and geography[J]. *Atmosphere*, 2020, 11(9): 919.
- [2] KIM KH, KABIR E, JAHAN SA. Airborne bioaerosols and their impact on human health[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2018, 67: 23-35.
- [3] FRÖHLICH-NOWOISKY J, KAMPF CJ, WEBER B, ALEX HUFFMAN J, PÖHLKER C, ANDREAE MO, LANG-YONA N, BURROWS SM, GUNTHER SS, ELBERT W, SU H, HOOR P, THINES E, HOFFMANN T, DESPRÉS VR, PÖSCHL U. Bioaerosols in the earth system: climate, health, and ecosystem interactions[J]. *Atmospheric Research*, 2016, 182: 346-376.

- [4] GOLLAKOTA ARK, GAUTAM S, SANTOSH M, SUDAN HA, GANDHI R, SAM JEBADURAI V, SHU CM. Bioaerosols: characterization, pathways, sampling strategies, and challenges to geo-environment and health[J]. *Gondwana Research*, 2021, 99: 178-203.
- [5] XIE WW, LI YP, BAI WY, HOU JL, MA TF, ZENG XL, ZHANG LY, AN TC. The source and transport of bioaerosols in the air: a review[J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2021, 15(3): 44.
- [6] RUIZ-GIL T, ACUÑA JJ, FUJIYOSHI S, TANAKA D, NODA J, MARUYAMA F, JORQUERA MA. Airborne bacterial communities of outdoor environments and their associated influencing factors[J]. *Environment International*, 2020, 145: 106156.
- [7] SMETS W, MORETTI S, DENYS S, LEBEER S. Airborne bacteria in the atmosphere: presence, purpose, and potential[J]. *Atmospheric Environment*, 2016, 139: 214-221.
- [8] WALSER SM, GERSTNER DG, BRENNER B, BÜNGER J, EIKMANN T, JANSSEN B, KOLB S, KOLK A, NOWAK D, RAULF M, SAGUNSKI H, SEDLMAIER N, SUCHENWIRTH R, WIESMÜLLER G, WOLLIN KM, TESSERAUX I, HERR CEW. Evaluation of exposure-response relationships for health effects of microbial bioaerosols: a systematic review[J]. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 2015, 218(7): 577-589.
- [9] YAO MS, ZHANG L, MA JX, ZHOU L. On airborne transmission and control of SARS-Cov-2[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 731: 139178.
- [10] SHI Y, WANG G, CAI XP, DENG JW, ZHENG L, ZHU HH, ZHENG M, YANG B, CHEN Z. An overview of COVID-19[J]. *Journal of Zhejiang University-SCIENCE B*, 2020, 21(5): 343-360.
- [11] DONG LJ, QI JH, SHAO CC, ZHONG X, GAO DM, CAO WW, GAO JW, BAI R, LONG GY, CHU CC. Concentration and size distribution of total airborne microbes in hazy and foggy weather[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 541: 1011-1018.
- [12] LEUNG MHY, TONG X, BØIFOT KO, BEZDAN D, BUTLER DJ, DANKO DC, GOHLI J, GREEN DC, HERNANDEZ MT, KELLY FJ, LEVY S, MASON-BUCK G, NIETO-CABALLERO M, SYNDERCOMBE-COURT D, UDEKWU K, YOUNG BG, MASON CE, DYBWAD M, LEE PKH. Characterization of the public transit air microbiome and resistome reveals geographical specificity[J]. *Microbiome*, 2021, 9(1): 112.
- [13] YE J, QIAN H, ZHANG JS, SUN F, ZHUGE Y, ZHENG XH. Combining culturing and 16S rDNA sequencing to reveal seasonal and room variations of household airborne bacteria and correlative environmental factors in Nanjing, southeast China[J]. *Indoor Air*, 2021, 31(4): 1095-1108.
- [14] EZQUERRO MDC, ACATA ES, MENDOZA CB. Airborne bacteria associated with particulate matter from a highly urbanised metropolis: a potential risk to the population's health[J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2022, 16(9): 120.
- [15] FUJIYOSHI S, TANAKA D, MARUYAMA F. Transmission of airborne bacteria across built environments and its measurement standards: a review[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 2336.
- [16] AMARASEKARA RWK, VITHANAGE M, SAMARAWEERA P, GOONETILLEKE A, MAGANA-ARACHCHI DN. Effect of traffic congestion and vegetation on airborne bacteria in a city of a developing country[J]. *Air Quality, Atmosphere & Health*, 2021, 14(7): 1103-1116.
- [17] NATIONS U. World Urbanization Prospects: The 2014 Revision-Highlights[M]. New York: United Nations Department of Economic and Social Affairs, 2014.
- [18] RAO Y, LI HY, CHEN MX, HUANG K, CHEN J, XU J, ZHUANG GS. Community structure and influencing factors of airborne microbial aerosols over three Chinese cities with contrasting social-economic levels[J]. *Atmosphere*, 2020, 11(4): 317.
- [19] XIE JW, JIN L, LUO XS, ZHAO Z, LI XD. Seasonal disparities in airborne bacteria and associated antibiotic resistance genes in PM_{2.5} between urban and rural sites[J]. *Environmental Science & Technology Letters*, 2018, 5(2): 74-79.
- [20] BALDRIAN P. Forest microbiome: diversity, complexity and dynamics[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2017, 41(2): 109-130.
- [21] LI H, WU ZF, YANG XR, AN XL, REN Y, SU JQ. Urban greenness and plant species are key factors in shaping air microbiomes and reducing airborne pathogens[J]. *Environment International*, 2021, 153: 106539.
- [22] CRANDALL SG, GILBERT GS. Meteorological factors associated with abundance of airborne fungal spores over natural vegetation[J]. *Atmospheric Environment*, 2017, 162: 87-99.

- [23] WANG Y, QI JH, HAN C, ZHANG T, ZHANG DH. Microbial characteristics of culturable fungi and bacteria in aerosol particles of a coastal region[J]. *Aerobiologia*, 2020, 36(3): 507-525.
- [24] XU WB, QI JH, JIN C, GAO DM, LI MF, LI L, HUANG S, ZHANG HD. Concentration distribution of bioaerosol in summer and autumn in the Qingdao coastal region[J]. *Chinese Journal of Environmental Science*, 2011, 32(1): 9-17.
- [25] XIE JW, JIN L, WU D, PRUDEN A, LI XD. Inhalable antibiotic resistome from wastewater treatment plants to urban areas: bacterial hosts, dissemination risks, and source contributions[J]. *Environmental Science & Technology*, 2022, 56(11): 7040-7051.
- [26] 王凯, 徐颖. 《城市用地分类与规划建设用地标准》回顾与思考[J]. *城市建筑*, 2018(18): 15-18.
WANG K, XU Y. Review and reflect on code for classification of urban land use and planning standards of development land[J]. *Urbanism and Architecture*, 2018(18): 15-18 (in Chinese).
- [27] Yearbook of Xiamen Special Economic Zone[M]. Beijing: China Statistics Press, 2022.
- [28] JIANG SY, MA AL, RAMACHANDRAN S. Plant-based release system of negative air ions and its application on particulate matter removal[J]. *Indoor Air*, 2021, 31(2): 574-586.
- [29] XIE JW, JIN L, HE TT, CHEN BW, LUO XS, FENG BH, HUANG W, LI J, FU PQ, LI XD. Bacteria and antibiotic resistance genes (ARGs) in PM_{2.5} from China: implications for human exposure[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, 53(2): 963-972.
- [30] XIE ZS, LI YP, LU R, LI WX, FAN CL, LIU PX, WANG JL, WANG WK. Characteristics of total airborne microbes at various air quality levels[J]. *Journal of Aerosol Science*, 2018, 116: 57-65.
- [31] XU CH. Study on diverse microbial communities at Ji'nan city and Mt. Tai, Shandong, China[D]. Jinan: Doctoral Thesis of Shandong University, 2017.
- [32] ZHEN Q, DENG Y, WANG YQ, WANG XK, ZHANG HX, SUN X, OUYANG ZY. Meteorological factors had more impact on airborne bacterial communities than air pollutants[J]. *The Science of the Total Environment*, 2017, 601/602: 703-712.
- [33] CAI HY, YU ZJ, AMANZE C, WANG SK, YU RL, ZENG WM, WU XL, SHEN L, LI JK. Variations of airborne bacterial community with seasons and environmental factors in Changsha, China[J]. *Air Quality, Atmosphere & Health*, 2022, 15(5): 773-783.
- [34] MHUIREACH G, JOHNSON BR, ALTRICHTER AE, LADAU J, MEADOW JF, POLLARD KS, GREEN JL. Urban greenness influences airborne bacterial community composition[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 571: 680-687.
- [35] TANG JW. The effect of environmental parameters on the survival of airborne infectious agents[J]. *Journal of the Royal Society, Interface*, 2009, 6(Suppl 6): S737-S746.
- [36] XU AL, SONG ZW, LANG XL, CHEN X, XIA Y. Seasonal variability in bacterial and fungal diversity and community composition of the near-surface atmosphere in coastal megacity[J]. *Aerobiologia*, 2017, 33(4): 555-575.
- [37] DU PR, DU R, REN WS, LU ZD, FU PQ. 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.
- [38] FANG ZG, OUYANG ZY, ZHENG H, WANG XK. Concentration and size distribution of culturable airborne microorganisms in outdoor environments in Beijing, China[J]. *Aerosol Science and Technology*, 2008, 42(5): 325-334.
- [39] LU JQ. A Study on the Microclimate Design of Xiamen Urban Park[D]. Xiamen: Thesis of Master's of Huaqiao University, 2018.
- [40] JEON EM, KIM HJ, JUNG K, KIM JH, KIM MY, KIM YP, KA JO. Impact of Asian dust events on airborne bacterial community assessed by molecular analyses[J]. *Atmospheric Environment*, 2011, 45(25): 4313-4321.
- [41] QIAN SC. Studies on microbial aerosol at different functional regions in Qingdao [D]. Qingdao: Thesis of Master's Qingdao University of Technology, 2012.
- [42] DOCHERTY KM, PEARCE DS, LEMMER KM, HALE RL. Distributing regionally, distinguishing locally: examining the underlying effects of local land use on airborne bacterial biodiversity[J]. *Environmental Microbiology*, 2018, 20(10): 3529-3542.
- [43] ROBINSON JM, CANDO-DUMANCELA C, ANTWIS RE, CAMERON R, LIDDICOAT C, POUDEL R, WEINSTEIN P, BREED MF. Exposure to airborne bacteria depends upon vertical stratification and vegetation complexity[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11: 9516.
- [44] LIU H, HU Z, ZHOU M, ZHANG H, LI Z, ZHANG H, HU J, YAO X, LOU L, XI C. Airborne microorganisms

- exacerbate the formation of atmospheric ammonium and sulfate[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 263: 114293.
- [45] ZHAI YB, LI X, WANG TF, WANG B, LI CT, ZENG GM. A review on airborne microorganisms in particulate matters: composition, characteristics and influence factors[J]. *Environment International*, 2018, 113: 74-90.
- [46] GANDOLFI I, BERTOLINI V, BESTETTI G, AMBROSINI R, INNOCENTE E, RAMPAZZO G, PAPACCHINI M, FRANZETTI A. Spatio-temporal variability of airborne bacterial communities and their correlation with particulate matter chemical composition across two urban areas[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(11): 4867-4877.
- [47] LI H, ZHOU XY, YANG XR, ZHU YG, HONG YW, SU JQ. Spatial and seasonal variation of the airborne microbiome in a rapidly developing city of China[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 665: 61-68.
- [48] VAN DER KOLK JH, ENDIMIANI A, GRAUBNER C, GERBER V, PERRETEN V. *Acinetobacter* in veterinary medicine, with an emphasis on *Acinetobacter baumannii*[J]. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 2019, 16: 59-71.
- [49] DENG DY, YUAN WL, ZHANG H, LONG HB, LV HL, SHEN YJ, WANG XS, YANG BR, HOU X, GU JY. Clinical features and homology of *Acinetobacter pittii* and *Acinetobacter nosocomialis* infection[J]. *Chinese Journal of Infection Control*, 2019, 18(1): 6-11.
- [50] HORCAJADA JP, MONTERO M, OLIVER A, SORLÍ L, LUQUE S, GÓMEZ-ZORRILLA S, BENITO N, GRAU S. Epidemiology and treatment of multidrug-resistant and extensively drug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* infections[J]. *Clinical Microbiology Reviews*, 2019, 32(4): e00031-19.
- [51] BERUBE BJ, RANGEL SM, HAUSER AR. *Pseudomonas aeruginosa*: breaking down barriers[J]. *Current Genetics*, 2016, 62(1): 109-113.
- [52] WANG M, CAI DM, WANG JY, WANG C, SHAO YH, MU H. Obtaining of pandrug-resistant pseudomonas aeruginosa's broad-spectrum phage lyase and observation of its antimicrobial activity[J]. *Shandong Medical Journal*, 2023, 63(6): 33-37.
- [53] ADRIAENSSENS EM, FARKAS K, McDONALD JE, JONES DL, ALLISON HE, MCCARTHY AJ. Tracing the fate of wastewater viruses reveals catchment-scale virome diversity and connectivity[J]. *Water Research*, 2021, 203: 117568.
- [54] BLACK Z, BALTA I, BLACK L, NAUGHTON PJ, DOOLEY JSG, CORCIONIVOSCHI N. The fate of foodborne pathogens in manure treated soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 781357.
- [55] LI YP, LU R, LI WX, XIE ZS, SONG Y. Concentrations and size distributions of viable bioaerosols under various weather conditions in a typical semi-arid city of Northwest China[J]. *Journal of Aerosol Science*, 2017, 106: 83-92.
- [56] ZHEN Q, FANG ZG, WANG YQ, OUYANG ZY. Bacterial characteristics in atmospheric haze and potential impacts on human health[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(6): 2244-2254.