



撰文 田埂

清华大学医学院与环境学院的科学家利用微生物宏基因组测序技术鉴定了雾霾空气中的微生物，发现约有1300种微生物飘浮在北京的雾霾中，虽然大多数微生物是无害的，但已知有些物种会引发人类的过敏和肺部疾病。这项发表在美国权威学术期刊《环境科学与技术》杂志上的研究成果为环境科学家、医务工作者和城市规划者提供了重要参考。国际顶尖学术期刊《自然》也报道评价了该项研究成果。

最近几年来，北京及周边地区的雾霾天气越来越多，各地PM2.5爆表已不是新闻。最严重时，北京市PM2.5爆表近1000，比世界卫生组织指导值高40倍。自1999年官方每日公布监测数据以来，颗粒物已被证明是北京主要的空气污染物，其对公众健康的影响因为研究较少而一直被低估。呼吸道刺激症状的大量出现以及相关的呼吸系统疾病门诊病例显

著增加，而“北京咳”也因此声名显著。

对雾霾的化学性质和物理性质已经进行了较多研究，那么污染的空气中有什么微生物，特别是有哪些过敏原和病原体随着颗粒进入肺中呢？它们可能会导致哪些疾病的发生呢？这些问题以前还从来没有被研究过，其危害也无法进行评估。

我们知道，可吸入颗粒中有许多生物成分，如细菌、真菌、

病毒、花粉，以及在微米到亚微米尺寸范围内的细胞碎片。已经有报道，生物来源的材料可产生达25%的大气气溶胶，而这些可能导致各种疾病和过敏。

过去由于技术的限制，鉴定这些微生物有些难度，一是微生物的丰度，二是鉴定微生物的所属门类。虽然基于培养的方法已被用于检测空气中的微生物，但是可培养的微生物仅仅占到所有微生物的1%，而





绘图 / 小四

且很难识别微生物的丰度。同时,大多数现有的数据都采用16S或18SrRNA基因序列进行细菌或真菌的分类,这种分类方法只能到科或属的分类水平。就是说,有害和无害的细菌、病毒,可能都归于同一“科”或“属”。比如说大肠杆菌,大部分大肠杆菌都是无害的,而溶血性的大肠杆菌,则会造成严重的感染。不过,微生物宏基因组测序为研究复杂的微

生物群落提供了一个强大的工具,特别是其发现与临床相关微生物的能力,不仅能证明空气微生物的存在,并能确定到种的水平。

研究人员从清华大学环境科学大楼收集了PM_{2.5}和PM₁₀样品,这个区域自1999年开始,已用于北京监测PM_{2.5}的污染。选择时间为2013年1月8日至14日,在此期间北京PM_{2.5}和PM₁₀污染指数从健

康水平到创纪录的高危险水平。通过DNA提取、测序以及软件分析,研究人员证明了空气微生物,包括细菌、古细菌、真菌,以及双链DNA病毒的存在,并确定到种的水平,为吸入过敏原和病原体物的存在提供了直接的证据。

研究人员得到的数据量是之前所有空气微生物研究数据结合起来的1000倍,较之前的研究,多发现了255个细菌属。



由宏基因组学的MG-RAST服务器分析,物种识别的数量已接近饱和。总体而言,PM2.5样品含有86.1%的细菌、13.0%的真菌、0.8%古细菌和0.1%的病毒,而PM10样品含有80.8%的细菌、18.3%的真菌、0.8%古细菌和0.1%的病毒。与PM2.5样本相比,PM10中真菌数量和种类相对较高,这很可能是由于真菌孢子直径为2.5至10微米之间。

细菌是空气中最丰富的原核微生物,也是PM2.5和PM10污染中最丰富的原核微生物。

研究人员在样品中发现,最丰富的门类是:放线菌(Actinobacteria)、变形杆菌(Proteobacteria)、绿弯菌(Chloroflexi)、厚壁菌(Firmicutes)、拟杆菌(Bacteroidetes)和广古菌

PM10

通常把空气动力学当量直径在10微米以下的颗粒物称为PM10,又称为可吸入颗粒物或飘尘。可吸入颗粒物的浓度以每立方米空气中可吸入颗粒物的微克数表示。颗粒物的直径越小,进入呼吸道的部位越深。10微米以下5微米以上直径的颗粒物通常沉积在上呼吸道,5微米以下2微米以上直径的可进入呼吸道的深部,2微米以下的可深入到细支气管和肺泡。

宏基因组学

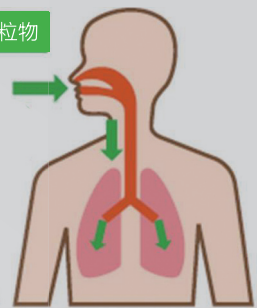
宏基因组学又叫微生物环境基因组学、元基因组学。它通过直接从环境样品中提取全部微生物的DNA,构建宏基因组文库,利用基因组学的研究策略研究环境样品所包含的全部微生物的遗传组成及其群落功能。它是在微生物基因组学的基础上发展起来的一种研究微生物多样性、开发新的生理活性物质(或获得新基因)的新理念和新方法。其主要含义是:对特定环境中全部微生物的总DNA(也称宏基因组)进行克隆,并通过构建宏基因组文库和筛选等手段获得新的生理活性物质;或者根据rDNA数据库设计引物,通过系统学分析获得该环境中微生物的遗传多样性和分子生态学信息。

(Euryarchaeota)。在种的水平,从14个样本中发现了1315种不同的细菌和古细菌。未分类的细菌中,固氮细菌、丝状菌属的弗兰克氏菌是含量最丰富的。得到的细菌通过与陆地、粪便、淡水和海洋相关的细菌对比,研究人员证明了在PM2.5和PM10收集的细菌中,大部分以粪便和地面来源为主。陆地来源的细菌比例似乎比之前的研究(米兰和纽约的数据)要多,这可能部分归因于北京及其周边地区缺乏植被覆盖,而干燥的冬季和建筑工地土壤裸露等原因。此外,淡水和海洋相关细菌的比例保持相对恒定,而粪便相关细菌的比例随着颗粒物浓度增加而增加。

不仅细菌,真菌和病毒也与人体过敏和疾病相关,研究人员从中筛选出了48个最常

10微米以下的颗粒物

粒径10微米以上的颗粒物会被挡在鼻子外面,10微米以下的颗粒物通过口和鼻腔被吸入肺部



见的细菌、2种真菌以及3种常见的病毒。土壤相关的暗地嗜皮菌是最丰富的细菌,接着是 *Modestobacter marinus*, *Blastococcus saxobsidens*, *Kocuriarhizophila*和藤黄微球菌。这些都是土壤中常见的细菌,有些甚至可以在紫外线照射等对细菌来讲十分“艰苦”的条件下生存。虽然类似以往的研究,在7天取样中,大多数细菌的相对丰度基本保持稳定,研究人员还是发现了一些

微生物表现出了较高的变化。例如嗜热裂孢菌,此细菌主要能降解植物细胞壁和腐烂的有机物,从污染的前两天的平均0.7%到最后5天重污染的平均 $3.7 \pm 2.5\%$,增加了近5倍。

在我们所识别的微生物中,有几个已知会引起人体过敏和呼吸系统疾病,包括肺炎链球菌、烟曲霉和人腺病毒C。其中,肺炎链球菌是最常见的社会获得性肺炎(CAP)的致病菌,在将近50%的社会获得性肺炎中可分离出肺炎链球菌。在PM10中占到0.012%,在PM2.5中占约0.017%。虽然它对健康人群的危害很小,但可能让易感人群感染肺炎。

烟曲霉以孢子的形式存在,被认为是一种主要的引起过敏的真菌,在免疫缺陷的人群是气道或肺的条件致病菌。它的含量在PM10中比PM2.5样品中高3倍。而且研究人员也发现,PM污染水平越高,烟曲霉含量也越高。人腺病毒是一



个双链DNA病毒,它占小儿上呼吸道和下呼吸道感染的5%~10%,并在重度污染天含量有所增加。通过对污染物化学成分的分析,污染越严重,其相对湿度也越高,从而更利于微生物的生存。

虽然大多数PM2.5和PM10样品中鉴定的微生物是普遍存在于环境中,是非致病性的,但是可吸入颗粒物中占较小比例的过敏原和病原体,特别是在污染时其伴随增加的相对丰度,仍可能威胁到易感人群(如老人和免疫缺陷者)。

这项研究最重要的意义是建立了一套新的检测方法,并鉴定出北京雾霾中具体有哪些微生物。但由于这是国际上第一次在“种”的精度上对大气微生物进行分析,目前还没有更多的研究结果做横向比较。■

PM2.5

PM2.5又称细颗粒物、细粒、细颗粒,指环境空气中空气动力学当量直径小于等于2.5微米的颗粒物。它能较长时间悬浮于空气中,其在空气中含量浓度越高,就代表空气污染越严重。虽然PM2.5只是地球大气成分中含量很少的组分,但它对空气质量和能见度等有重要的影响。与较粗的大气颗粒物相比,PM2.5粒径小,面积大,活性强,易附带有毒、有害物质(例如,重金属、微生物等),且在大气中的停留时间长,输送距离远,因而对人体健康和大气环境质量的影响更大。