

沿海地区大气生物气溶胶污染特征及其对空气质量 质量的响应

何武超¹, 王晓松¹, 许益杭¹, 周雪冬^{1,2,*}, 武艳¹

(1. 山东大学 环境科学与工程学院, 山东 青岛 266237;
2. 山东大学(青岛) 资产与实验室管理处, 山东 青岛 266237)

摘要: 本研究在沿海地区采集不同空气质量指数(AQI)下的大气生物气溶胶样品, 结合实时荧光定量PCR和高通量测序技术, 系统解析了总DNA与细菌DNA浓度、抗生素抗性基因(ARGs)与重金属抗性基因(MRGs)的分布特征及微生物群落结构, 阐明沿海大气生物气溶胶污染特征及其对空气质量变化的响应规律。结果表明, 生物气溶胶总DNA与细菌DNA浓度在AQI为良时最高(分别为66.67和29.83 ng/m³), 而微生物 α 多样性在中度污染条件下达到峰值。ARGs浓度在空气质量转好过程中显著上升, 且与O₃、NO₂浓度呈显著正相关, 表明其可能主要存在于细颗粒物表面或受外源输送影响; MRGs分布则与细菌DNA变化趋势高度同步($R=0.88$), 表明其可能多存在于细菌胞内。细菌群落以变形菌门占绝对优势, 其结构随AQI等级变化而显著分异。本研究揭示了沿海大气生物气溶胶污染特征及其对空气质量变化的响应机制, 为沿海区域生物气溶胶健康风险评估与污染防治提供了科学依据。

关键词: 生物气溶胶; 空气质量; 抗生素抗性基因; 重金属抗性基因; 细菌

中图分类号: X503.1; X196 **文献标识码:** A

生物气溶胶是指含有生物组分的气溶胶颗粒物, 这些生物组分既包括细菌、真菌、病毒等微生物, 也包括抗性基因、细胞结构组分等^[1-6]。生物气溶胶通过呼吸暴露可对人体健康造成负面健康效应, 如呼吸系统疾病、传染性疾病等^[7-10]。近两年, COVID-19大规模暴发导致全球一千多万人死亡, 而很多研究指出这和新冠病毒以气溶胶的形式传播有关^[11-13]。除了微生物自身, 许多细菌和真菌还可分泌内毒素、外毒素、葡聚糖、过敏原等毒性更强的副产物^[14-17]。例如, 细菌破裂时释放的结构组分内毒素是诱导哮喘的重要致病因子^[18], 而真菌破裂时释放的葡聚糖由于可被人体免疫细胞特异性识别并激活免疫系统, 是导致和增强呼吸道炎症反应的重要成分^[19]。粒径小的生物气溶胶可在大气中悬浮较长时间, 并进行远距离的扩散和传输^[3]。此外, 大气中的微生物气溶胶可通过吸收和散射太阳辐射, 并作为云凝结核或冰核参与云物理过程, 从

而对区域乃至全球气候系统产生重要影响^[11-14]。因此, 作为大气气溶胶的重要组成部分, 生物气溶胶在国家生物安全、公共卫生、大气环境等领域具有重大国家战略需求。

微生物是生物气溶胶中最核心的活性组分, 其群落结构及浓度是评估生物气溶胶环境与健康效应的关键。大量研究表明, 尽管不同地理环境的大气中存在由变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和放线菌门(Actinobacteria)等常见菌门构成的相对稳定的“微生物背景”^[20-22], 但其具体组成与丰度显著受到时空因素和环境条件的协同调控。在空间上, 地理位置(如沿海与内陆、城市与乡村)通过影响污染源类型(如海盐飞沫、土壤扬尘、工业排放等)导致微生物群落分异。例如, 青岛、西安等地大气中虽均以变形菌门为主, 但其相对丰度因陆源或海洋源影响强度不同而存在差异^[21-23]。在时间尺度上, 季节更替引起温度、湿度、

收稿日期: 2026-02-06; 改回日期: 2026-05-14

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(22376122、21876101); 山东省重点研发计划(公益类科技攻关)(2019GSF107071)。

第一作者简介: 何武超(2001—), 男, 硕士研究生, 研究方向为生物气溶胶。email: 202312879@mail.sdu.edu.cn。

*通信作者: 周雪冬(1985—), 男, 实验师, 研究方向为环境与健康。email: xdzhou@sdu.edu.cn。

© Editorial office of Earth and Environment. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license.

紫外线辐射等气象因子的变化,直接影响微生物的存活与繁殖,导致其浓度呈现周期性波动,如青岛的微生物浓度在秋季较高,而湖州则在夏季达到峰值^[23-26]。这种复杂的时空动态特征不仅反映了微生物对环境压力的适应与响应机制,也直接关联到生物气溶胶的最终归宿、致病潜力及气候效应。因此,厘清特定环境条件下(如不同空气质量)微生物结构,是准确评估其生态与健康风险的前提。

除了微生物本身,气溶胶携带的抗性基因作为一种新兴环境污染物,近年来也引发了广泛关注^[27-30]。其中,抗生素抗性基因(Antibiotic Resistance Genes, ARGs)与重金属抗性基因(Metal Resistance Genes, MRGs)在多种环境介质中日益累积,对全球公共健康构成潜在威胁^[31-33]。尤其是,环境中重金属的持久性污染不仅直接选择出MRGs,更可能通过共选择(Co-selection)效应(如共同位于可移动遗传元件上、或存在协同抗性机制等)驱动MRGs与ARGs的协同进化与传播,从而导致多重抗性微生物(Multi-drug Resistant Organisms)的出现^[33-35]。这一风险在多种环境中已得到印证。例如,已有研究在河水、沉积物以及大气颗粒物中频繁同时检测到ARGs与MRGs的共存,揭示了二者在环境中协同扩散的普遍性与潜在风险^[27,36-38]。目前,ARGs与MRGs在土壤、水体中的研究较多,而在大气环境中的分布特征、来源及驱动机制仍缺乏系统认识,尤其是在海陆交互作用显著的沿海区域。

青岛作为典型沿海城市,大气环境同时受海洋与陆源影响,其生物气溶胶的分布可能具有独特性。然而,目前关于沿海地区不同空气质量条件下大气生物气溶胶中ARGs与MRGs的分布特征及驱动因素仍缺乏系统认识。基于此,本研究选取青岛沿海站点,于2024年11月至2025年1月针对不同空气质量指数(Air Quality Index, AQI)等级开展连续采样,综合利用实时荧光定量PCR和高通量测序技术,旨在:(1)阐明沿海大气生物气溶胶中ARGs、MRGs、细菌群落组成与分布特征;(2)揭示抗性基因绝对丰度与PM_{2.5}、PM₁₀、SO₂、NO₂、O₃、CO等主要大气污染物浓度之间的相关性;(3)探讨空气质量变化对生物气溶胶组成的潜在影响。研究结果有望为科学评估沿海城市大气微生物污染水平、揭示抗性基因的环境归趋及其健康风险提供关键的数据支撑和理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域与样品采集

本研究在山东省青岛市开展。青岛市地处山东半岛东南部,属温带季风气候,大气环境同时受内陆与海洋系统的显著影响。采样点位于鳌山湾海域附近(120°41'14" E, 36°22'43" N),距海岸线约500 m,该采样点能有效捕捉海陆交汇区域大气污染的典型特征。样品于2024年11月至2025年1月采集。依据环境监测站发布的实时空气质量指数(AQI),本研究系统采集了6个不同污染等级下的大气生物气溶胶样品,具体包括:优(AQIG, AQI≤50; n=25)、良(AQIM, 51≤AQI≤100; n=23)、轻度污染(AQIUSG, 101≤AQI≤150; n=39)、中度污染(AQIU, 151≤AQI≤200; n=29)、重度污染(AQIVU, 201≤AQI≤300; n=20)和严重污染(AQIH, AQI≥301; n=20)。采样使用大流量生物气溶胶采样器(HighBioTrap, P-1000, 北京鼎蓝科技有限公司),采样流速设定为1000 L/min。为保证样品代表性并获取足量生物DNA,同一AQI下至少3个采样器同时采集大气样品,每个样品连续采集2 h。采样期间同步记录PM_{2.5}、PM₁₀、SO₂、NO₂、O₃、CO等常规污染物的浓度,以及环境温度、湿度等参数。最终,选取了采样期间能够完整覆盖从中度污染(AQIU)转变为优(AQIG)过程的连续样品进行后续的分子生物学分析。采集的样品立即置于-20℃条件下保存。

1.2 DNA提取与高通量测序

本研究分别使用PowerWater® DNA Isolation Kit(MO BIO Laboratories, 美国加利福尼亚州卡尔斯巴德)试剂盒和Bacteria DNA Kit(D3350-01, OMEGA)分别提取颗粒物样品中的总DNA和细菌DNA,具体提取过程参考已经发表的文献^[2,6]。本研究分析的总DNA,为样品中细菌、真菌、花粉、病毒、植物残体等的DNA总和。以总DNA提取为例,首先将滤膜置于5 mL试管中,加入1 mL预热的PW1(强裂解试剂),然后在65℃的超声水浴中孵育30 min,接着以4 000×g离心1 min。避开试管底部的沉淀,将上清液转移至洁净的2 mL收集管中。其次,向悬浊液中加入200 μL PW2溶液,以去除腐殖酸、细胞碎片和蛋白质等非DNA有机及无机物质。在4℃下孵育5 min后,再次以13 000×g离心样品1 min。后续提取步骤按照标准的MO-BIO PowerWater® DNA分离协议进行。最后,从每个样

本中保留 60 μL 溶液,用于后续的 DNA 定量和扩增。所有样本的操作均在生物安全柜中进行。提取的 DNA 浓度用荧光仪 (Version4.0, Invitrogen, 美国加利福尼亚州卡尔斯巴德) 检测,并利用 Illumina 测序平台 (上海美吉生物医药科技有限公司) 分析微生物的物种组成和相对丰度,具体方法参考已经发表的文献 [6]。qPCR 前引物为 5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3', 后引物为 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'。50 μL 的 qPCR 的反应体系: 5 μL DNA 模板, 1 μL 超纯 dNTPs (浓度各为 10 $\mu\text{mol/L}$), 1 μL 探针 (浓度为 10 $\mu\text{mol/L}$), 1 μL 前引物 (浓度为 10 $\mu\text{mol/L}$), 1 μL 后引物 (浓度为 10 $\mu\text{mol/L}$), 5 μL 10 $\times$ Taq Reaction Buffer, 最后加 RNase-free ddH₂O 补齐到 50 μL 。qPCR 的反应条件: 第一阶段, 95 $^{\circ}\text{C}$ 2 min (1 个循环); 第二阶段, 95 $^{\circ}\text{C}$ 15 s, 60 $^{\circ}\text{C}$ 1 min, 然后 72 $^{\circ}\text{C}$ 2 min (40 个循环); 第三阶段, 72 $^{\circ}\text{C}$ 10 min (1 个循环)。原始测序数据使用 QIIME2 和 DADA2 软件进行质量控制, OTU 聚类的阈值设为 97%。

1.3 抗性基因分析

本研究采用实时荧光定量 PCR (Quantitative Real-time PCR, qPCR) 技术, 对目标抗生素抗性基因 (Antibiotic resistance genes, ARGs) 和重金属抗性基因 (Metal resistance genes, MRGs) 进行分析。实验选用 SYBR Green 荧光染料法, 针对 8 类常见 ARGs (涵盖磺胺类、四环素类、 β -内酰胺类等) 及 5 类 MRGs (铜、锌、镉等重金属) 设计特异性引物。通过将含有目标基因片段的标准质粒进行梯度稀释, 构建标准曲线, 以实现样品中目标基因拷贝数的精确定量。最终, 抗性基因的丰度以每立方米空气中所含的基因拷贝数 (copies/ m^3) 表示。本研究中分析的 ARGs, 其引物设计均参考已经发表的文献 [39-47], MRGs 引物设计参考已经发表的文献 [48-60]。

1.4 数据分析

本研究所有统计分析均在 R 语言 (v4.0.3) 中完成, 主要分为 3 种: (1) 基于 Pearson 相关性分析抗性基因相对丰度与大气污染物浓度 ($\text{PM}_{2.5}$ 、 PM_{10} 、 SO_2 、 NO_2 、 O_3 、 CO) 之间的线性关联; (2) 基于 Bray-Curtis 距离矩阵进行主坐标分析 (Principal Coordinates Analysis, PCoA), 揭示不同 AQI 等级下微生物群落结构的差异; (3) 通过计算 Chao1 指数 (物种丰富度) 和 Shannon 指数 (物种多样性及均匀度)

来评估微生物群落的 α 多样性。

2 结果与讨论

2.1 不同 AQI 条件下沿海大气生物气溶胶中的 DNA 分布特征

本研究系统分析了不同 AQI 等级下沿海大气生物气溶胶中总 DNA、细菌 DNA、抗生素抗性基因 (ARGs) 及重金属抗性基因 (MRGs) 的分布特征。如图 1 所示, 细菌 DNA 与总 DNA 浓度变化趋势基本一致, 均在 AQI 重度污染时降至最低 (分别为 4.0 与 17.33 ng/m^3), 随后随空气质量改善逐渐上升, 并于 AQI 为良时达到峰值 (29.83 与 66.67 ng/m^3)。大气颗粒物中 DNA 既可以来源于细菌、真菌, 也可来源于浮游植物碎片、原生动物等 [61]。不同空气质量下的风速、湿度、光照、边界层等均有差异, 这些差异可导致不同的微生物、碎片 DNA 总量的差异 [62-63]。

如图 1 所示, ARGs 浓度随 AQI 变化呈现波动上升趋势。从中度污染至重度污染阶段, 其浓度由 4.5×10^5 copies/ m^3 至 8.1×10^5 copies/ m^3 , 严重污染时降至 6.8×10^5 copies/ m^3 ; 而在空气质量由重度污染逐步转为优良的过程中, ARGs 浓度持续上升至 1.0×10^6 copies/ m^3 , 增幅约 50%。这一变化可能与大气湿度、颗粒物浓度及其外源输入等有关。已有研究表明, 高湿环境及室外大气中 ARGs 浓度普遍较高 [64-65]。浓度则在 AQI 为优时最低 (2.0×10^3 copies/ m^3), 于 AQI 为良时达到峰值 (2.7×10^4 copies/ m^3), 整体变化趋势与 ARGs 相反, 提示二者在环境中的赋存形式与驱动机制存在差异。尤其是, ARGs 浓度变化与细菌 DNA 无明显同步性, 而 MRGs 浓度则与细菌 DNA 变化高度一致, 表明 MRGs 主要存在于细菌细胞内, 而 ARGs 除胞内分布外, 可能亦以游离态形式存在。这一结果与 Xie 等 [66] 关于大气抗性基因主要呈胞内分布的研究结论有所差异, 可能与本研究区域的气候特征及污染源组成有关。

此外, 细菌 DNA 在总 DNA 中的占比随 AQI 变化差异显著: AQI 为优时占比最低 (8.70%), 而在严重污染与轻度污染条件下分别升至 67.29% 与 50.02%。该趋势与 Zhang 等 [67] 在雾霾天气中观测到的细菌相对丰度激增现象一致, 说明污染天气可能促进某些以硝酸盐、硫酸盐为营养的细菌增殖。同时, MRGs 与 ARGs 的比值在 AQI 为优时最低 (0.20%), 于良与中度污染时分别达到 3.89% 与

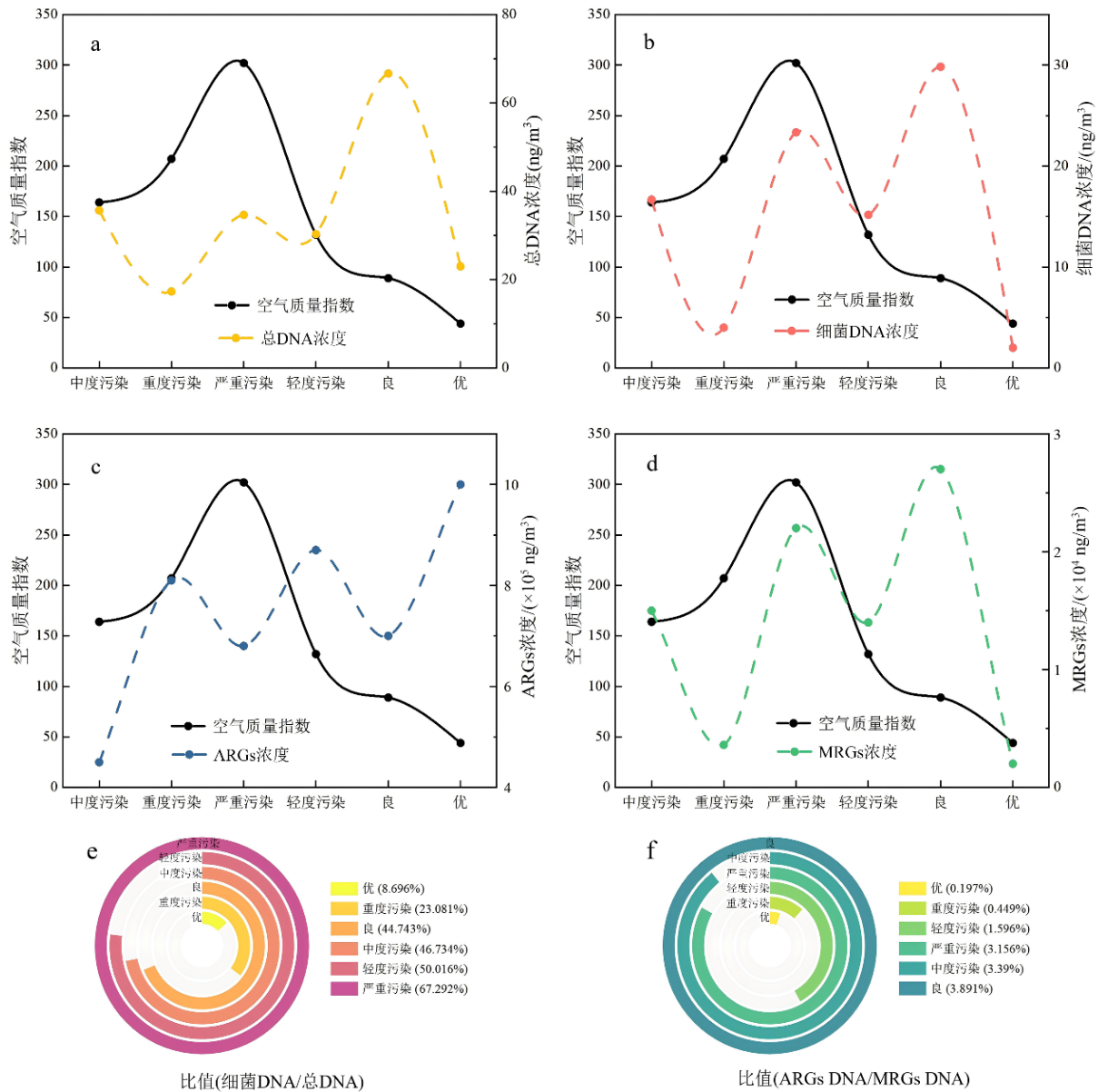


图1 不同AQI条件下沿海大气中DNA分布特征

Fig. 1 Distribution characteristics of DNA in coastal atmosphere under different AQI conditions

3.39%。上述结果表明,AQI虽可反映常规污染物水平,但不能完全代表生物气溶胶的浓度与组成特征。

在图2和表1中,不同空气质量条件下,PM_{2.5}、PM₁₀、SO₂、NO₂、O₃、CO等常规污染物浓度与生物气溶胶中细菌DNA、总DNA及MRGs浓度的相关性较弱($R < 0.5$)。例如,总DNA浓度与SO₂等污染物无显著关联,与已有研究结果一致^[63]。但是,ARGs浓度与空气质量指标、常规污染物的相关性最为显著,其中与O₃和NO₂的相关性最高,相关系数分别达0.72和0.65。这一现象可能涉及光化学过

程驱动的间接筛选与物理输送双重机制。一方面,NO₂作为O₃形成的关键前体物,其浓度升高往往伴随着活跃的光化学反应。O₃的强氧化性可能对大气微生物施加选择性压力,通过诱导氧化应激反应,富集了具有更强细胞膜屏障或抗氧化修复机制的抗性细菌种群。另一方面,由SO₂、NO_x及挥发性有机物(VOCs)经光化学转化生成的大量二次气溶胶,具有巨大的比表面积,能够高效吸附来自土壤、水体等环境的细菌(包括已被富集的抗性细菌)及游离态ARGs,形成稳定的“微生物-化学复合体”。这些复合体颗粒不仅延长了ARGs在大气中的停留

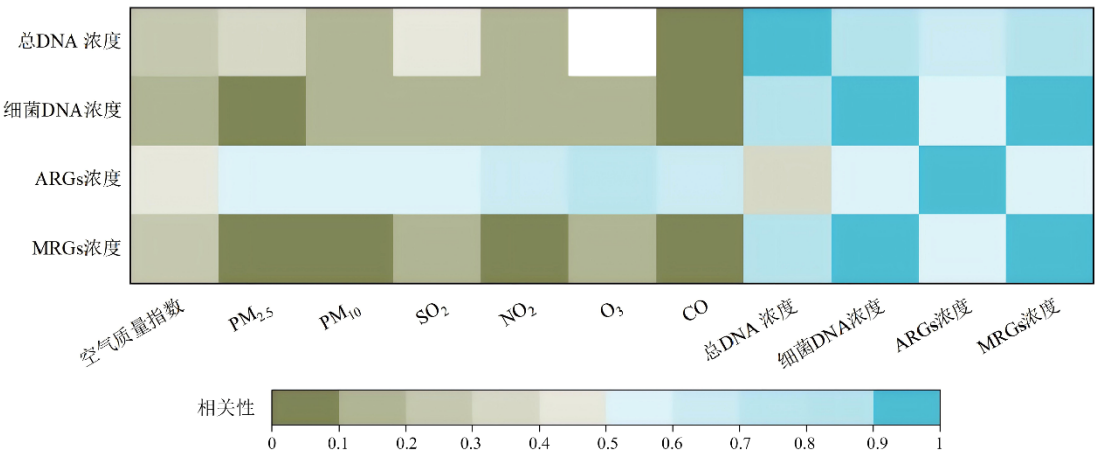


图2 AQI等指标与沿海大气DNA含量的相关性

Fig. 2 The correlation between AQI (together with other parameters) and the atmospheric DNA content

表1 不同AQI条件下的污染物和气象参数

Table 1 Pollutants and meteorological parameters under different AQI conditions

空气质量指标	优	良	轻度污染	中度污染	重度污染	严重污染
温度/°C	4	-1	1	3	1	0
湿度/级	37	70	58	84	88	78
风向	西风	东风	东风	西风	西南风	西风
风力/级	2	2	2	1	1	2
气压/hPa	1 024	1 027	1 027	1 026	1 028	1 025
PM _{2.5} /(μg/m ³)	22	66	76	126	157	191
PM ₁₀ /(μg/m ³)	44	115	108	195	204	311
SO ₂ /(μg/m ³)	14	22	20	48	44	40
NO ₂ /(μg/m ³)	24	60	49	100	90	112
CO/(mg/m ³)	0.5	1.6	1.5	2.3	2.7	2.5
O ₃ /(μg/m ³)	80	11	24	14	10	19

时间,还使其随气流扩散时,在空间分布上与O₃、NO₂等光化学污染指标高度同步,从而在统计学上表现为显著的正相关性。进一步分析显示,细菌DNA、总DNA与MRGs两两之间均具有高度相关性($R=0.88$),表明三者浓度变化趋势基本同步,MRGs可能主要赋存于细菌细胞内,其分布受细菌主导。相比之下,ARGs与细菌DNA、总DNA及MRGs的相关性适中($R=0.53\sim0.63$),虽呈正相关,但显著低于其与O₃、NO₂的相关性。这一差异说明,空气质量变化对细菌DNA浓度的影响较为直接,而对ARGs与MRGs的影响机制不同;ARGs的分布可能不仅受细菌调控,还受到其他非生物因素(如气相化学反应、外源输入等)的影响。

2.2 不同AQI条件下沿海大气中抗性基因的种类和浓度

沿海大气生物气溶胶中检测到了8大类抗生

素中的40多种ARGs。其中,检测到的ARGs主要为磺胺类药物(如*sul1*, *sul2*和*sul3*)、四环素(如*tet32*和*tetD*)、万古霉素(如*vanB*)、大环内酯类抗生素(如*ermA*和*ermB*)、 β -内酰胺酶(如*blaTEM*和*blaCTX-M1*)、喹诺酮(如*qepA*)等。如图3a所示,*blaTEM*、*ermF*在所有AQI等级下均被检出,且相对丰度最高。这与之前青岛沿海大气中四环素类ARGs占比最高的研究结果一致^[68],在天津、北京等地区大气中也发现*blaTEM*为优势ARGs^[65,69]。*blaTEM*常见宿主为革兰氏阴性菌(如肠杆菌科),可能主要来源于医疗废水及畜禽养殖^[65]。在检出的高丰度ARGs中,*sul1*(磺胺类)常与可移动遗传元件关联,宿主以变形菌门为主,多来源于养殖和生活污水^[30]。此外,*intI1*(整合酶基因)在各AQI样品中丰度分布较为均匀,未表现出随污染水平变化的显著波动。从ARGs种类数来看,其相对丰度并未随

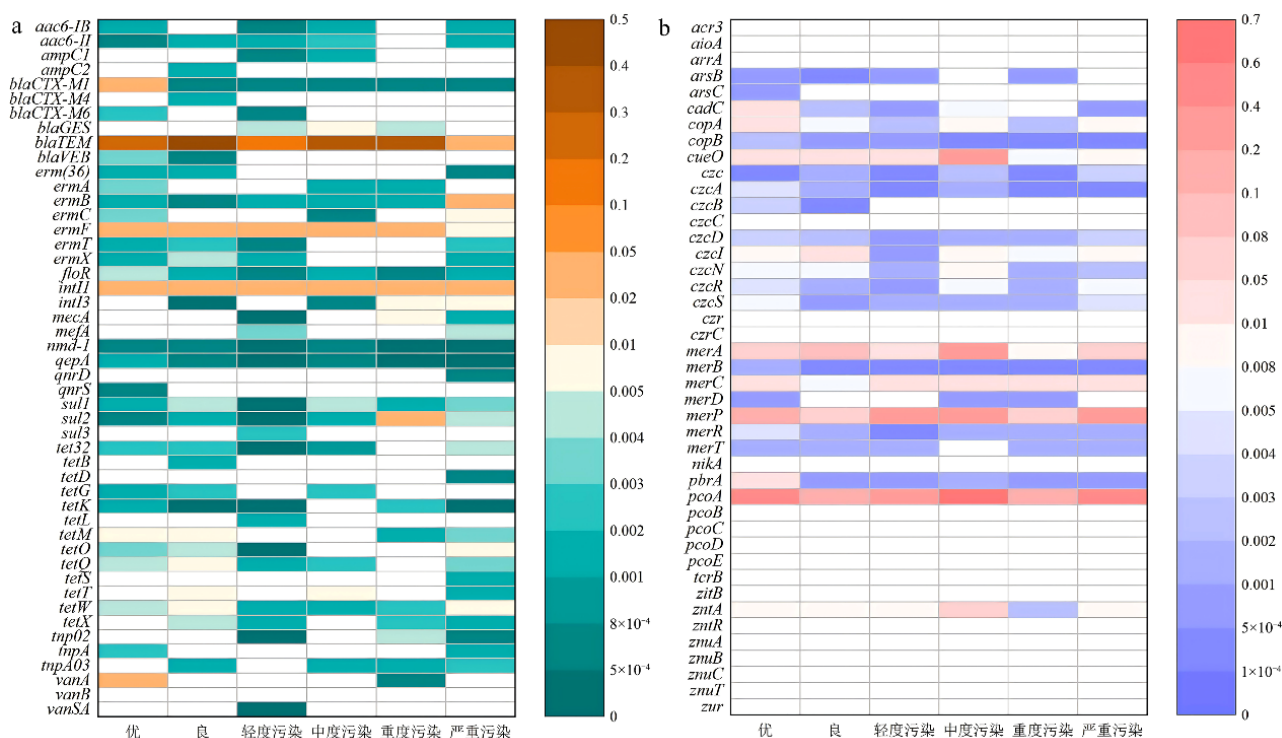


图3 不同AQI条件下沿海大气中ARGs(a)和MRGs(b)的热图分析

Fig. 3 Heatmap analysis of ARGs (a) and MRGs (b) in coastal atmosphere under different AQI conditions

空气污染加剧而增加,反而一些 ARGs(如 *blaCTX-M1*、*blaTEM* 和 *ermF*)在空气质量优良时最多,重度污染时最少。这一趋势支持“空气质量恶化可能抑制 ARGs 传播”的观点^[70]。尤其是,不同 AQI 条件下 ARGs 的类别组成相似,这些大气中的 ARGs 可随气溶胶进入人体呼吸系统,构成了潜在的抗性基因库^[70]。

沿海大气生物气溶胶中检测到了 5 类重金属(铜、锌、镉等)中的 20 多种 MRGs。MRGs 的分布如图 3b 所示。其中, *merP*(汞)和 *pcoA*(铜)在 6 种 AQI 条件下均呈现较高丰度。这些重金属抗性基因在厦门大气颗粒物及电子回收厂周边空气中亦有报道^[27-28]。 *merP* 常见于假单胞菌属等,可能与煤炭燃烧及金属冶炼有关^[27]。 *pcoA* 广泛存在于土壤和水体细菌中,主要来源于工业排放及含铜杀菌剂使用^[28]。青岛冬季供暖及沿海工业活动也可能是其重要来源。值得注意的是,与 *pcoA* 同属铜抗性基因的 *pcoB*、*pcoC* 等基因在本研究中均未检出。此外, *merA*、*merB* 等 MRGs 在多数 AQI 条件下丰度较为均一,这些基因可能成为冬季沿海大气中常见的背景型抗性基因。从整体组成来看,不同 AQI 条件下 MRGs 的种类组成

相似度较高(Bray-Curtis 相似性 > 0.75),表明空气质量变化对其多样性影响不大。该结果与部分研究中 *copA* 等基因丰度与对应重金属浓度显著相关的结论有所不同^[50,54]。这也表明不同 MRGs 对环境因子的响应机制可能存在差异。在沿海大气中,MRGs 的分布可能更多受源特征和微生物群落结构调控,而非单纯由污染物浓度驱动。

2.3 不同 AQI 条件下沿海大气中细菌的群落结构特征

OTU 分析表明,6 种 AQI 条件下细菌群落共有 OTU 比例仅为 0.6%,说明不同空气质量条件下细菌群落结构差异显著(图 4)。Alpha 多样性分析显示,空气质量为优、良时,observed_species 数与 Chao1 指数最高,表明物种丰富度最大;同时 Shannon 指数与 Simpson 指数也高于其他污染等级,说明此时物种分布更为均匀,群落多样性最高。Beta 多样性分析(PCoA 与 NMDS)进一步证实,不同 AQI 条件下样品间微生物组成具有明显分离,这与极低的共有 OTU 比例相一致。

在门水平上,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)

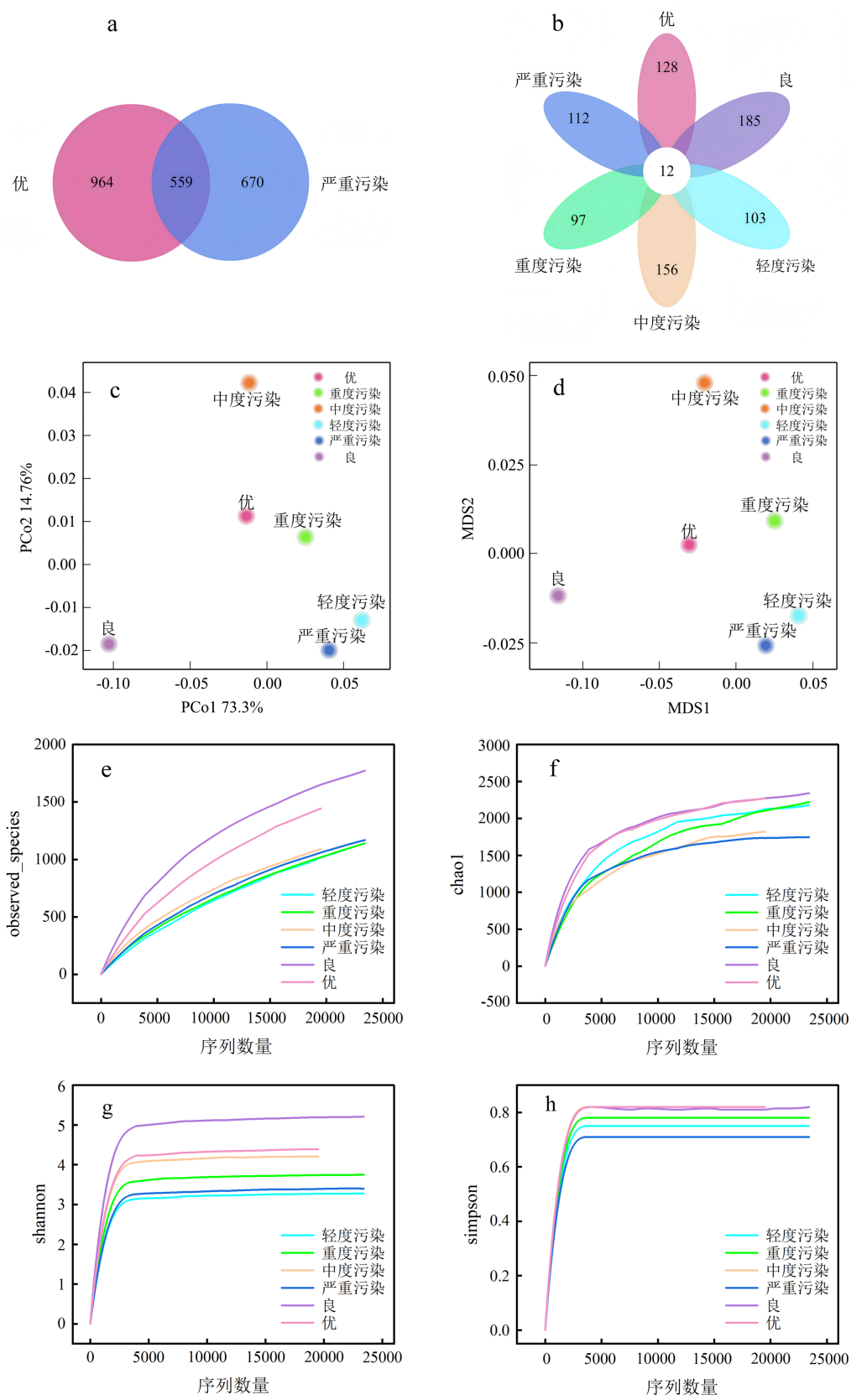


图4 不同AQI条件下沿海大气中细菌气溶胶的特征

Fig. 4 Characteristics of bacterial aerosols in coastal atmosphere under different AQI conditions

为各 AQI 条件下的优势菌门(图 5)。其中,变形菌门相对丰度普遍超过 80%,在轻度污染条件下可达 95%以上,这与常州、石河子及北海等地的相关研究结果基本一致^[71-73]。在门水平上,变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、蓝细菌门(Cyanobacteria)及浮霉菌门(Planctomycetes)均为海洋环境中的优势菌门,其中变形菌门和蓝细菌门被报道可作为多种 MRGs(如抗铜、抗镉基因)的潜在宿主^[70]。在空气质量为良时,蓝细菌门(Cyanobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteria)的相对丰度略高于其他 AQI,可能与采样期间的温度等环境因子有关。聚类分析显示,重度污染与严重污染条件下的细菌群落结构最为接

近,而空气质量为良的样品在聚类中距离最远,表明其群落组成具有较高的特异性。在属水平上,本研究所检出的水杆菌属(*Aquabacterium*)、沉积杆菌属(*Sediminibacterium*)及柄杆菌属(*Caulobacter*)等均在海洋环境中常见^[26],这表明沿海大气细菌群落可能受到海洋源输入的影响。这些海洋来源菌属的存在,结合本研究中 *merP*(抗汞)、*pcoA*(抗铜)等 MRGs 在各类 AQI 条件下均保持较高丰度的结果,表明海洋源微生物也可能作为沿海大气中 MRGs 的重要载体。在空气质量为良时,芽单胞菌 Y27(*Blastomonas sp.* Y27)等菌种的丰度显著升高,该条件下微生物种类与总量均较丰富,这与前述细菌 DNA 与总 DNA 浓度在该

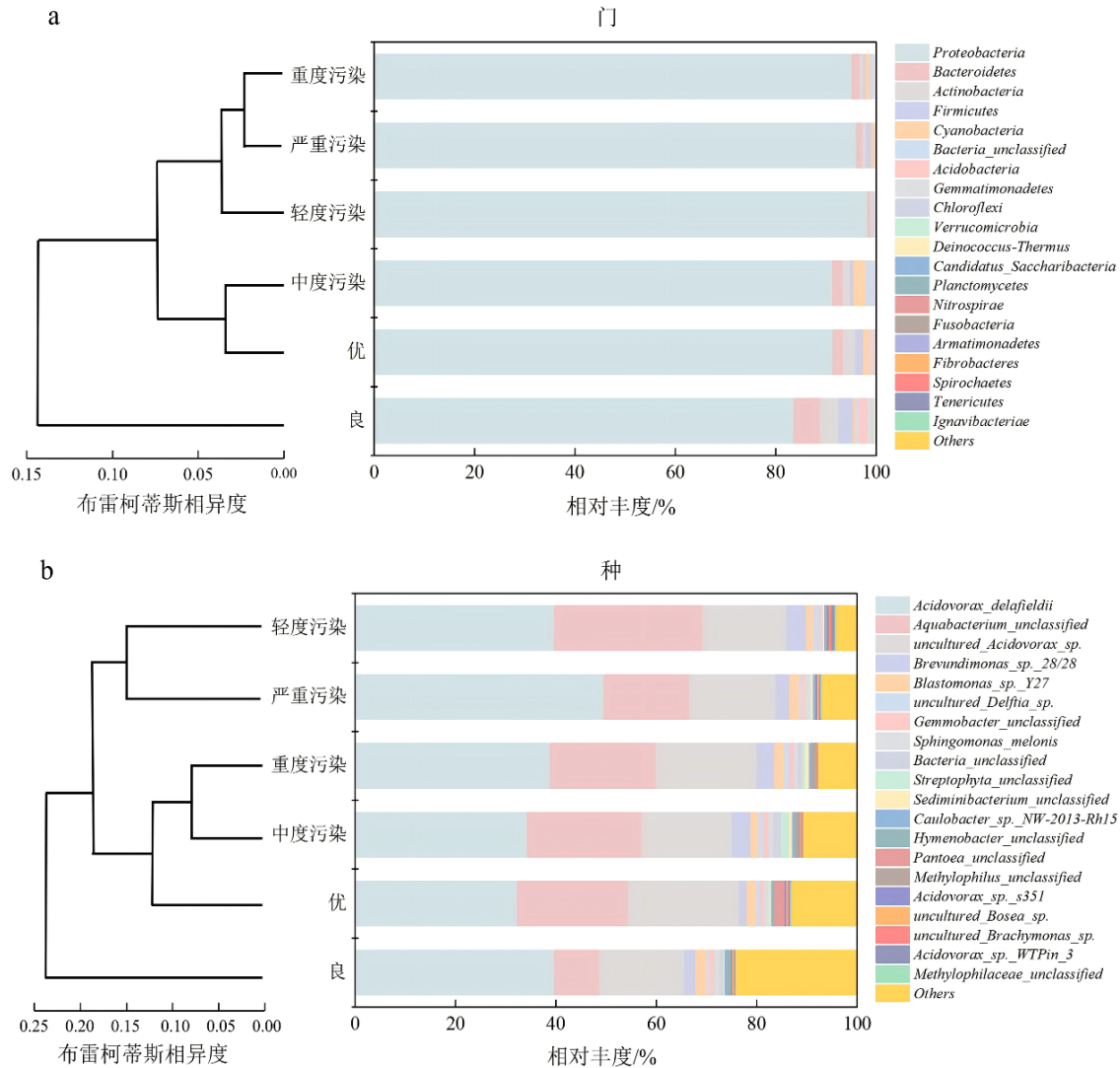


图5 不同 AQI 条件下沿海大气中细菌在门(a)和种(b)水平的聚类分析及相对丰度

Fig. 5 Cluster analysis and relative abundance of bacteria in coastal atmosphere at the phylum (a) and species (b) levels under different AQI conditions

条件下最高的结果相符,进一步印证了物种丰富度与生物量之间的正相关关系。

本研究发现沿海大气生物气溶胶浓度及微生物多样性随 AQI 变化呈非单调趋势,在 AQI 为良条件下最高。这可能与该阶段温湿度等气象条件更利于微生物存活与扩散有关;而在重度污染条件下,高浓度颗粒物可能对微生物活性产生抑制,导致生物气溶胶浓度下降。此外,ARGs 浓度在空气质量改善过程中持续上升,说明其可能主要存在于细颗粒物表面,不易随粗颗粒沉降,或受到局地污染源(如污水处理、畜禽养殖)及区域传输的影响。细菌 DNA 与 MRGs 浓度变化高度同步,表明 MRGs 主要携带于细菌群落内,且细菌群落对空气质量变化响应最为敏感。与内陆环境相比,沿海大气的高湿度与高盐分条件可能显著改变气溶胶的吸湿性、相态及微生物生理活性,进而影响抗性基因的环境行为与扩散特征。

3 结论

本研究通过分析青岛地区不同 AQI 条件下大气生物气溶胶的污染特征,得出以下主要结论:

1) 生物气溶胶总 DNA 与细菌 DNA 浓度在 AQI 为良时最高,微生物 Alpha 多样性也在 AQI 为良时达到峰值,而在重度污染条件下受到抑制,表明生物气溶胶的浓度与多样性并非与 AQI

呈简单线性关系,中度污染天气可能具有较高的微生物扩散风险。

2) 抗生素抗性基因浓度在空气质量由差转优的过程中显著上升,且与 O_3 、 NO_2 浓度呈显著正相关(R 分别为 0.72 和 0.65),提示 ARGs 与 O_3 的正相关关系暗示了光化学过程或二次气溶胶形成可能影响了 ARGs 的赋存状态;同时,其浓度在空气质量转好时仍较高,提示可能存在局地或区域性的持续源输送,这需要结合气团轨迹模型在未来研究中验证。重金属抗性基因(MRGs)分布则与细菌 DNA 浓度变化高度同步($R=0.88$),说明其可能主要存在于细菌胞内,且受细菌群落结构调控。

3) 细菌群落以变形菌门为绝对优势类群,其结构在不同 AQI 条件下差异显著;属水平上食酸菌属(*Acidovorax*)在所有条件下均为最优势菌属。MRGs 与 ARGs 的分布趋势存在差异,说明二者在环境中的赋存机制与驱动因素可能不同。

本研究系统揭示了青岛沿海大气生物气溶胶污染特征及其对空气质量变化的响应规律,为温带季风气候区受海陆交互影响的沿海城市大气微生物污染防控与公共健康风险评估提供了科学依据。未来需结合气象要素、污染源解析及微生物活性等因素开展长期定位观测,进一步阐明抗性基因的环境行为、传输途径与生态健康效应。

参 考 文 献

- [1] Yao M S, Zhang L, Ma J X, et al. On airborne transmission and control of SARS-Cov-2[J]. Science of the Total Environment, 2020, 731: 139178.
- [2] Wu Y, Chen A L, Luhung I, et al. Bioaerosol deposition on an air-conditioning cooling coil[J]. Atmospheric Environment, 2016, 144: 257-265.
- [3] Yue S Y, Li L J, Xu W Q, et al. Biological and nonbiological sources of fluorescent aerosol particles in the urban atmosphere[J]. Environmental Science & Technology, 2022, 56(12): 7588-7597.
- [4] Xie J W, Jin L, Wu D, et al. 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.
- [5] Yue Y, Chen H X, Setyan A, et al. Size-resolved endotoxin and oxidative potential of ambient particles in Beijing and zürich[J]. Environmental Science & Technology, 2018, 52(12): 6816-6824.
- [6] Han R N, Yu C L, Tang X N, et al. Release of inhalable particles and viable microbes to the air during packaging peeling: emission profiles and mechanisms[J]. Environmental Pollution, 2021, 285: 117338.
- [7] 郑云昊,李菁,陈灏轩,等.生物气溶胶的昨天、今天和明天[J].科学通报,2018,63(10): 878-894.
- [8] Dondero T J Jr, Rendtorff R C, Mallison G F, et al. An outbreak of Legionnaires' disease associated with a contaminated air-conditioning cooling tower[J]. The New England Journal of Medicine, 1980, 302(7): 365-370.
- [9] Ross M A, Curtis L, Scheff P A, et al. Association of asthma symptoms and severity with indoor bioaerosols[J]. Allergy, 2000, 55(8): 705-711.
- [10] Cao C, Jiang W J, Wang B Y, et al. Inhalable microorganisms in Beijing's $PM_{2.5}$ and PM_{10} pollutants during a severe smog event[J]. Environmental Science & Technology, 2014, 48(3): 1499-1507.
- [11] Morawska L, Cao J J. Airborne transmission of SARS-CoV-2: the world should face the reality[J]. Environment International, 2020, 139: 105730.

- [12] WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard. [EB/OL]. <https://covid19.who.int/>.
- [13] Li J M, Zhang Y D, Jiang L N, et al. Similar aerosol emission rates and viral loads in upper respiratory tracts for COVID-19 patients with Delta and Omicron variant infection[J]. *Virologica Sinica*, 2022, 37(5): 762-764.
- [14] Zheng Y H, Chen H X, Yao M S, et al. Bacterial pathogens were detected from human exhaled breath using a novel protocol[J]. *Journal of Aerosol Science*, 2018, 117: 224-234.
- [15] Kristensen P, Andersen A, Irgens L M. Hormone-dependent cancer and adverse reproductive outcomes in farmers' families: effects of climatic conditions favoring fungal growth in grain[J]. *Scandinavian Journal of Work, Environment & Health*, 2000, 26(4): 331-337.
- [16] Arruda L K, Mann B J, Chapman M D. Selective expression of a major allergen and cytotoxin, Asp f I, in *Aspergillus fumigatus*. Implications for the immunopathogenesis of *Aspergillus*-related diseases[J]. *Journal of Immunology*, 1992, 149(10): 3354-3359.
- [17] Volgger V, Louza J, Gellrich D, et al. Value of component resolved diagnostics to *aspergillus fumigatus* in patients with upper airway complaints [J]. *International Archives of Allergy and Immunology*, 2021, 182(2): 120-130.
- [18] Hasunuma H, Yoda Y, Tokuda N, et al. Effects of early-life exposure to dust mite allergen and endotoxin on the development of asthma and wheezing: the Japan Environment and Children's Study[J]. *Clinical and Translational Allergy*, 2021, 11(8): e12071.
- [19] Chen Q, Hildemann L M. The effects of human activities on exposure to particulate matter and bioaerosols in residential homes[J]. *Environmental Science & Technology*, 2009, 43(13): 4641-4646.
- [20] Zhen H J, Krumins V, Fennell D E, et al. Analysis of airborne microbial communities using 16S ribosomal RNA: potential bias due to air sampling stress[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 621: 939-947.
- [21] Xie Z S, Li Y P, Lu R, et al. Characteristics of total airborne microbes at various air quality levels[J]. *Journal of Aerosol Science*, 2018, 116: 57-65.
- [22] 张波, 马曼曼, 孙宇航, 等. 大气颗粒物中细菌群落结构的区域差异性研究[J]. *中国海洋大学学报(自然科学版)*, 2021, 51(9): 80-92.
- [23] 成卓韦, 薛福浩, 王智文, 等. 湖州地区校园生物气溶胶环境因素分析[J]. *浙江工业大学学报*, 2025, 53(3): 346-354.
- [24] 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.
- [25] Xu A L, Song Z W, Lang X L, et al. 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.
- [26] Li M F, Qi J H, Zhang H D, et al. Concentration and size distribution of bioaerosols in an outdoor environment in the Qingdao coastal region[J]. *Science of the Total Environment*, 2011, 409(19): 3812-3819.
- [27] Agarwal V, Meier B, Schreiner C, et al. Airborne antibiotic and metal resistance genes: a neglected potential risk at e-waste recycling facilities[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 920: 170991.
- [28] Liang X P, Wang H J, Zheng J R, et al. Comprehensive analysis of metal(loid)s and associated metal(loid) resistance genes in atmospheric particulate matter[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 932: 173038.
- [29] Zhang T, Yan L C, Qi J H, et al. Antibiotic resistance genes in the coastal atmosphere under varied weather conditions: distribution, influencing factors, and transmission mechanisms[J]. *Environmental Pollution*, 2025, 368: 125695.
- [30] Wang G L, Feng J L, Luo L, et al. Distribution, diffuse, and removal of tetracyclines and sulfonamide antibiotic resistance genes in wastewater treatment plant: a review[J]. *The Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(8): 2875-2882.
- [31] Huang Y H, Li R Y, Dai Y Z, et al. Migration characteristics of ARGs from pig manure in compost-soil-lettuce[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2025, 308: 119447.
- [32] Inda-Díaz J S, Lund D, Parras-Moltó M, et al. Latent antibiotic resistance genes are abundant, diverse, and mobile in human, animal, and environmental microbiomes[J]. *Microbiome*, 2023, 11(1): 44.
- [33] Lu X M, Liu X P. Distribution of metal resistance genes in estuarine sediments and associated key impact factors[J]. *Microbial Ecology*, 2021, 82(3): 581-590.
- [34] 林云昊, 侯庆华. 湛江湾抗性基因、重金属与微生物互作分析[J]. *环境科学与技术*, 2026, 49(1): 141-153.
- [35] Song J X, Rensing C, Holm P E, et al. Comparison of metals and tetracycline as selective agents for development of tetracycline resistant bacterial communities in agricultural soil[J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, 51(5): 3040-3047.
- [36] Yang Y Y, Liu G H, Song W J, et al. Plastics in the marine environment are reservoirs for antibiotic and metal resistance genes[J]. *Environment International*, 2019, 123: 79-86.
- [37] Gao F Z, Hu L X, Liu Y S, et al. Unveiling the prevalence of metal resistance genes and their associations with antibiotic resistance genes in heavy metal-contaminated rivers[J]. *Water Research*, 2025, 281: 123699.
- [38] Dickinson A W, Power A, Hansen M G, et al. Heavy metal pollution and co-selection for antibiotic resistance: a microbial palaeontology approach [J]. *Environment International*, 2019, 132: 105117.
- [39] 刘佳, 赵小学, 李红萍, 等. 河南某工厂附近农田土壤中抗生素抗性基因与可移动遗传元件的分布[J]. *郑州大学学报(医学版)*, 2016, 51(3): 301-305.

- [40] Ng L K, Martin I, Alfa M, et al. Multiplex PCR for the detection of tetracycline resistant genes[J]. *Molecular and Cellular Probes*, 2001, 15(4): 209-215.
- [41] Mao D Q, Yu S, Rysz M, et al. Prevalence and proliferation of antibiotic resistance genes in two municipal wastewater treatment plants[J]. *Water Research*, 2015, 85: 458-466.
- [42] Luo Y, Mao D Q, Rysz M, et al. Trends in antibiotic resistance genes occurrence in the Haihe River, China[J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, 44(19): 7220-7225.
- [43] Zhai W C, Yang F X, Mao D Q, et al. Fate and removal of various antibiotic resistance genes in typical pharmaceutical wastewater treatment systems[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, 23(12): 12030-12038.
- [44] 刘锐. 嘉兴市抗生素抗性基因的污染现状调查[J]. *东北农业科学*, 2016, 41(2): 109-112.
- [45] Qin C X, Zhang J Y, Tong J, et al. Reduction of antibiotic resistant bacteria and genes in Spiramycin wastewater treated by Membrane Bioreactor (MBR) process[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2015(5):100-107.
- [46] 刘远. 北方污水厂出水 and 再生处理中新兴有机污染物的分布特征[D]. 天津: 天津大学, 2018.
- [47] 谭璐. 人类活动促进环境中抗生素抗性基因增殖扩散研究[D]. 天津: 天津大学, 2017.
- [48] Argudin M A, Butaye P. Dissemination of metal resistance genes among animal methicillin-resistant coagulase-negative Staphylococci[J]. *Research in Veterinary Science*, 2016, 105: 192-194.
- [49] Besaury L, Bodilis J, Delgas F, et al. Abundance and diversity of copper resistance genes CusA and copA in microbial communities in relation to the impact of copper on Chilean marine sediments[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2013, 67(1/2): 16-25.
- [50] Chen J W, Li J J, Zhang H, et al. Bacterial heavy-metal and antibiotic resistance genes in a copper tailing dam area in northern China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1916.
- [51] Escudero L V, Casamayor E O, Chong G, et al. Distribution of microbial arsenic reduction, oxidation and extrusion genes along a wide range of environmental arsenic concentrations[J]. *PLoS One*, 2013, 8(10): e78890.
- [52] Kaci A, Petit F, Lesueur P, et al. Distinct diversity of the *czcA* gene in two sedimentary horizons from a contaminated estuarine core[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2014, 21(18): 10787-10802.
- [53] Kulp T R, Hoeft S E, Miller L G, et al. Dissimilatory arsenate and sulfate reduction in sediments of two hypersaline, arsenic-rich soda lakes: Mono and Searles Lakes, California[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(10): 6514-6526.
- [54] Roosa S, Wattiez R, Prygiel E, et al. Bacterial metal resistance genes and metal bioavailability in contaminated sediments[J]. *Environmental Pollution*, 2014, 189: 143-151.
- [55] Song K, Kang H, Zhang L, et al. Seasonal and spatial variations of denitrification and denitrifying bacterial community structure in created riverine wetlands[J]. *Ecological Engineering*, 2012, 38(1): 130-134.
- [56] Wu C, Zhang G C, Xu W Z, et al. New estimation of antibiotic resistance genes in sediment along the Haihe River and Bohai Bay in China: a comparison between single and successive DNA extraction methods[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 705724.
- [57] Xiong W G, Zeng Z L, Zhang Y M, et al. Fate of metal resistance genes in arable soil after manure application in a microcosm study[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2015, 113: 59-63.
- [58] Yin Y N, Gu J, Wang X J, et al. Effects of copper addition on copper resistance, antibiotic resistance genes, and intl1 during swine manure composting[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 344.
- [59] Yang S Z, Deng W W, Liu S L, et al. Presence of heavy metal resistance genes in *Escherichia coli* and *Salmonella* isolates and analysis of resistance gene structure in *E. coli* E308[J]. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 2020, 21: 420-426.
- [60] Zhang J Y, Chen M X, Sui Q W, et al. Impacts of addition of natural zeolite or a nitrification inhibitor on antibiotic resistance genes during sludge composting[J]. *Water Research*, 2016, 91: 339-349.
- [61] Jiang X H, Rotily L, Villermaux E, et al. Submicron drops from flapping bursting bubbles[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2022, 119: e2112924119.
- [62] 谢佳敏, 祁建华, 高冬梅. 青岛沿海生物气溶胶中微生物活性的粒径分布特征[J]. *中国海洋大学学报(自然科学版)*, 2020, 50(8): 25-33.
- [63] 宫静, 祁建华, 李鸿涛. 青岛近海生物气溶胶中总微生物的分布特征[J]. *环境科学*, 2019, 40(8): 3477-3488.
- [64] 陈瑞敏, 吴雁, 康文英, 等. 连续雾霾天气污染物浓度变化及天气形势特征分析[J]. *气候与环境研究*, 2014, 19(2): 209-218.
- [65] Wang Y Z, Wang C, Song L. Distribution of antibiotic resistance genes and bacteria from six atmospheric environments: exposure risk to human[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 694: 133750.
- [66] Xie J W, Jin L, He T T, et al. 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.
- [67] Zhang T, Li X Y, Wang M F, et al. Microbial aerosol chemistry characteristics in highly polluted air[J]. *Science China Chemistry*, 2019, 62(8): 1051-1063.
- [68] 贾世杰, 王娇, 王钦, 等. 青岛冬春季大气气溶胶中抗生素抗性基因组成及影响因子[J]. *中国海洋大学学报(自然科学版)*, 2022, 52(8): 60-70.

- [69] Li J, Cao J J, Zhu Y G, et al. Global survey of antibiotic resistance genes in air[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52(19): 10975-10984.
- [70] He Z F, Shen J Q, Li Q Q, et al. Bacterial metal(loid) resistance genes (MRGs) and their variation and application in environment: a review[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 871: 162148.
- [71] 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.
- [72] 刘菲, 薛银刚, 屠博文, 等. 常州市春季 PM_{2.5} 中细菌群落特征及影响因素[J]. *中国环境科学*, 2018, 38(9): 3254-3261.
- [73] Seifried J S, Wichels A, Gerdt G. Spatial distribution of marine airborne bacterial communities[J]. *MicrobiologyOpen*, 2015, 4(3):475-490.

Characterization of Atmospheric Bioaerosol Pollution and Its Response to Air Quality in a Coastal Region

HE Wuchao¹, WANG Xiaosong¹, XU Yihang¹, ZHOU Xuedong^{1,2,*}, WU Yan¹

(1. School of Environmental Science and Engineering, Shandong University, Qingdao Shandong 266237, China;

2. Assets and Laboratory Management Office, Shandong University, Qingdao Shandong 266237, China)

Abstract: This study collected atmospheric bioaerosol samples under different Air Quality Index (AQI) levels in a coastal area. By integrating real-time quantitative PCR and high-throughput sequencing techniques, we systematically analyzed the distribution characteristics of total DNA, bacterial DNA, antibiotic resistance genes (ARGs), and metal resistance genes (MRGs), alongside the microbial community structure. This analysis elucidates the pollution characteristics of coastal atmospheric bioaerosols and their response patterns to changes in air quality. The results showed that the concentrations of total DNA and bacterial DNA were highest under good air quality conditions (66.67 and 29.83 ng/m³, respectively), while microbial α -diversity peaked under moderate pollution. Notably, the concentration of ARGs increased significantly as air quality improved, exhibiting strong positive correlations with O₃ and NO₂ levels. This finding suggests that ARGs may primarily exist on the surface of fine particulate matter or be influenced by external transport mechanisms. Conversely, the distribution of MRGs was highly synchronized with variations in bacterial DNA concentration ($R=0.88$), suggesting their predominant intracellular occurrence within bacteria. The bacterial community was overwhelmingly dominated by Proteobacteria, with its structure varying significantly across different AQI levels. This study reveals the pollution characteristics of coastal atmospheric bioaerosols and their response mechanisms to air quality changes, thereby providing a scientific basis for health risk assessment and pollution control of bioaerosols in coastal regions.

Keywords: bioaerosol; air quality; antibiotic resistance genes (ARGs); metal resistance genes (MRGs); bacteria