

新乡市冬季严重雾霾下医院和校园气传微生物群落组成研究

杨清香^{1a,1b}, 辛媛^{1a}, 李慧君², 王瑞民^{1a,1b}

(1.河南师范大学 a.生命科学学院;b.河南省农业微生物生态与技术国际联合实验室,河南 新乡 453007;2.新乡医学院 公共卫生学院,河南 新乡 453003)

摘要:2017 年 12 月至 2018 年 1 月,采集冬季严重雾霾天气下校园室外环境和医院门诊大厅的大气颗粒物样本,通过微生物培养和分子生物学方法研究了气传细菌和真菌的群落组成.结果显示,雾霾发生时校园室外环境中空气微生物的浓度高于医院室内环境,医院的气传细菌多样性明显高于校园,气传真菌多样性则是校园高于医院.值得注意的是,不论是培养法还是高通量测序,都检测出丰度较高的条件致病菌和致敏真菌,例如在医院采集到的黏质沙雷菌(*Serratia marcescens*)和测序到的丰度较高的隐球菌属(*Cryptococcus*)等条件致病菌,在校园和医院相对丰度均较高的曲霉(*Aspergillus*)、青霉(*Penicillium*)、链格孢霉(*Alternaria*)、镰刀霉(*Fusarium*)和木霉(*Trichoderma*)等致敏真菌.本研究可以为学校学生和医院患者在严重雾霾天气下感染、过敏等疾病的临床诊断、预防及治疗提供理论依据.

关键词:雾霾;大气颗粒物;微生物群落;条件致病菌;致敏真菌

中图分类号:Q938.1

文献标志码:A

新乡位于河南北部,受独特的盆地地形影响,大气污染物向外扩散能力差^[1],并且近邻的山西、河北和山东三省,均是我国雾霾污染较严重的地区,因此容易引发中、重度污染^[2].特别是在冬季,随着北方供暖季的到来,煤炭使用量急剧增大,更加剧了雾霾的严重程度^[3].据全国城市空气质量实时发布平台(<http://106.37.208.233:20035>)的数据显示,从 2017 年底到 2018 年初,新乡以及整个河南遭遇了持续雾霾,连续数月空气质量突破了中度污染水平,严重程度超过河北,成为全国雾霾最严重区域.

雾霾颗粒物的物理结构和化学组成以及对人类健康不利影响的研究已经很深入^[4,5],然而,作为雾霾颗粒物的的重要组成部分——生物气溶胶的研究还不广泛.生物气溶胶是大气颗粒物的重要组成部分,主要由含有微生物或生物大分子等生命活性物质的生物微粒组成,包括细菌、真菌、病毒、花粉、孢子和动植物碎裂分解体等^[6].其中,细菌、放线菌、霉菌、病毒和孢子等微生物以生物气溶胶的形式游离于大气环境中,是大气生态系统的重要组成部分^[7].PM_{2.5}和 PM₁₀中的微生物被认为是引起各种过敏和呼吸系统疾病传播的原因,而生物气溶胶中的微生物群落组成与地区具有明显相关性^[8].以往有关雾霾颗粒物中微生物群落组成的报道一般集中在北京等大城市^[9-12],对于中部地区严重雾霾下微生物组成的研究未见报道.

本研究选择中国中部地区雾霾严重的新乡市为对象,研究其冬季严重雾霾天气下校园和医院环境中气传细菌和真菌的浓度、群落组成以及病原微生物的特征,为该区域雾霾天气下气溶胶组成研究以及对雾霾天气下感染、过敏等疾病的临床诊断、预防和治疗提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 材料

培养基:营养琼脂-制霉菌素培养基:蛋白胨 10 g,牛肉粉 3 g,氯化钠 5 g,琼脂 15 g,蒸馏水 1 000 mL,

收稿日期:2020-04-21;修回日期:2020-05-29.

基金项目:国家基金委-河南省联合基金重点项目(U1904205)

作者简介(通信作者):杨清香(1966—),女,河南洛阳人,河南师范大学教授,博导,研究方向:资源与环境微生物;E-mail:Yangqx66@163.com.

pH 调至 7.3 ± 0.1 , $121\text{ }^\circ\text{C}$ 高压灭菌 20 min, 灭菌后加入浓度为 50 U/mL 的制霉菌素; 孟加拉红-氯霉素培养基: 蛋白胨 5 g, 葡萄糖 10 g, 硫酸二氢钾 1 g, 硫酸镁(无水) 0.5 g, 孟加拉红 0.033 g, 琼脂 20 g, 蒸馏水 1 000 mL, 自然 pH, $121\text{ }^\circ\text{C}$ 高压灭菌 20 min, 培养基灭菌后加入 0.1 g 氯霉素。

仪器: ZGW-6 型六级筛孔撞击式采样器(盐城紫光电子仪器有限公司); 安卓森撞击式空气微生物采样器(Thermo Scientific Andersen Microbial Sampler)。

1.2 方法

1.2.1 环境因子的获得

采样期间(2017 年 12 月至 2018 年 1 月)的气象条件(温度、风力)和大气污染物($\text{PM}_{2.5}$, PM_{10} , SO_2 , CO , NO_2 和 O_3)浓度均从全国空气质量实时发布平台(<http://106.37.208.233:20035/>)获取。具体环境因子信息如表 1 所示。

表 1 环境因子信息

Tab.1 Environmental factor information

组别	日期	天气	T /($^\circ\text{C}$)	风速	AQI	质量 等级	$\text{PM}_{2.5}$ 质量浓度 /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	PM_{10} 质量浓度 /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	SO_2 质量浓度 /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	NO_2 质量浓度 /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	O_3 质量浓度 /($\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$)	CO 质量浓度 /($\text{mg} \cdot \text{m}^{-3}$)
S1	2017/12/2	晴	12\ -2	西南风 2 级	225	重度	153	238	30	93	55	2.7
H1	2017/12/3	阴	12\ -2	西南风 2 级	239	重度	189	282	40	96	47	3.6
S2	2018/12/28	晴	9\ -2	东风 1 级	202	重度	152	218	35	89	51	2.2
H2	2018/12/29	多云	7\ -3	东风 2 级	239	重度	189	258	27	109	26	2.7
S3	2018/1/20	多云	10\ -3	西南风 1 级	210	重度	177	252	30	81	20	2.6
H3	2018/1/21	阴	5\ -2	东北风 1 级	227	重度	93	144	15	59	23	1.4

1.2.2 空气微生物的采集

校园采样地点为河南师范大学户外道路, 医院采样地点为河南师范大学附属医院门诊大厅。空气微生物的采集采用两种方法: 方法一, 利用 ZGW-6 型六级筛孔撞击式采样器(盐城紫光电子仪器有限公司), 采样时, 撞击器平面放置细菌和真菌培养基皿, 直接采集气体样本, 采样口距离地面 1.5 m。气传细菌的采集使用 NA(营养琼脂)-制霉菌素培养基, 气传真菌采用孟加拉红-氯霉素培养基。采样时空气流量为 28.3 L/min , 采样时间 6 min, 每次采样至少设置 3 次重复。样品采集后, 细菌放置在 $37\text{ }^\circ\text{C}$ 恒温培养箱中培养 2 d, 真菌放置在 $28\text{ }^\circ\text{C}$ 下培养 4 d。方法二利用安卓森撞击式空气微生物采样器(Thermo Scientific Andersen Microbial Sampler)^[13] 采样, 采样器口距离地面 1.5 m 处, 采样器内放入聚四氟乙烯滤膜(孔径为 $0.25\text{ }\mu\text{m}$, 直径为 0.47 mm), 设置空气流量为 28.3 L/min , 采样时间为每天 23 h。采样结束后, 迅速用无菌镊子将滤膜放入无菌的 50 mL 离心管中, 记录好采样时间、采样地点, 带回实验室后放置在 $-80\text{ }^\circ\text{C}$ 冰箱待后续提取 DNA。

1.2.3 空气微生物的计数、纯化及鉴定

待平板上菌落全部长出后进行计数, 将六级采样平板上的总菌、采样流速和采样时间代入计算公式: 空气含菌量 = $\frac{\text{六级采样平板上总菌数}}{28.3\text{ L/min} \times \text{采样时间}} \times 1\ 000$ 。在培养平板上挑取形态特征有差别的菌落进行多轮纯化培养, 纯化后的细菌或真菌菌落, 通过菌落 PCR 对细菌的 16S rRNA^[14] 和真菌的 ITS^[15] 基因序列进行扩增, 扩增后的 PCR 产物进行琼脂糖凝胶电泳, 并进行胶回收, 将胶回收产物送至生工公司进行测序, 将测序结果与 NCBI-Blast 基因数据库 (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome) 中的 16S rDNA 和 ITS 序列进行比对, 通过 MEGA 软件对同源序列及标准菌株序列比对并采用 NJ 法构建系统进化树, 确定目的菌株种属^[16]。

1.2.4 空气中总 DNA 的提取与高通量测序

将方法二收集的滤膜样品参考 Jiang 的方法^[17] 进行预处理, 使用 OMEGA Soil DNA Kit 提取空气中的总 DNA, 利用 NanoDrop Spectrophotomete 检测 DNA 浓度和含量, 合格后的 6 个样本 DNA(3 个来自校园: S1, S2, S3, 3 个来自医院: H1, H2, H3) 送至上海美吉生物医药科技有限公司, 应用 Illumina MiSeq 平台对细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 区(338F_806R)^[18,19] 和真菌的 ITS 区(ITS1F ITS2R)^[20] 基因进行高通量

测序.

1.2.5 高通量测序数据分析处理

利用 FLASH 和 Trimmomatic^[21] 软件对数据进行除杂,根据 barcode 和引物序列区分样品得到有效序列,并校正序列方向,得到优化数据.利用 Usearch(vsesion 7.0 <http://drive5.com/uparse/>) 软件,将相似度达到 97% 的序列聚类为一个操作分类单元(operational taxonomic units, OTU),统计各个样本 OTU 的丰度信息,得到样本的物种丰富度.嵌合序列的识别和去除由 UCHIME^[22] 完成.每个 OTU 对应的物种分类信息通过 RDP classifier 贝叶斯算法^[23] 对相似水平达到 97% 的 OTU 序列进行分类学分析.细菌 16S rRNA 基因序列的物种分类通过比对 Silva(SSU128)细菌 16S rRNA 数据库(Release128 <http://www.arb-silva.de>) 得到,真菌 ITS 基因序列的物种分类通过比对 Unite 真菌 ITS 数据库(Release 7.0 <http://unite.ut.ee/index.php>) 得到.包括 chao 指数、ace 指数、shannon 指数和 simpson 指数在内的 α 多样性值由 Mothur(version v.1.30.1 http://www.mothur.org/wiki/Schloss_SOP#Alpha_diversity)^[24] 计算得到.

2 结果

2.1 雾霾天气下校园和医院空气中微生物的多样性和丰度

通过对校园和医院中空气微生物的采样和培养,结果显示,雾霾天气下空气微生物具有丰富的多样性图 1(图 1A,1B 分别为校园和医院的气传细菌,图 1C,1D 分别为校园和医院的气传真菌).从菌落形态来看,校园和医院空气中细菌的种类具有明显的差异,而真菌类别无明显差异.

菌落计数结果如表 2 所示,校园空气颗粒物中的细菌和真菌在各级平板上的菌落数均高于医院,气传细菌多被收集在 4 级和 5 级平板(直径为 1.1~3.3 μm),气传真菌多被收集在 3 级、4 级和 5 级平板(直径为 1.1~4.7 μm).校园和医院空气中细菌的含量分别为 $(2\ 326 \pm 34)$ cfu/m^3 和 (559 ± 83) cfu/m^3 ,校园中的气传细菌数量远远高于医院,约是医院的 4 倍.气传真菌的含菌量在校园和医院空气中分别为 $(3\ 380 \pm 321)$ cfu/m^3 和 $(2\ 080 \pm 522)$ cfu/m^3 ,校园空气中真菌的数量也高于医院.

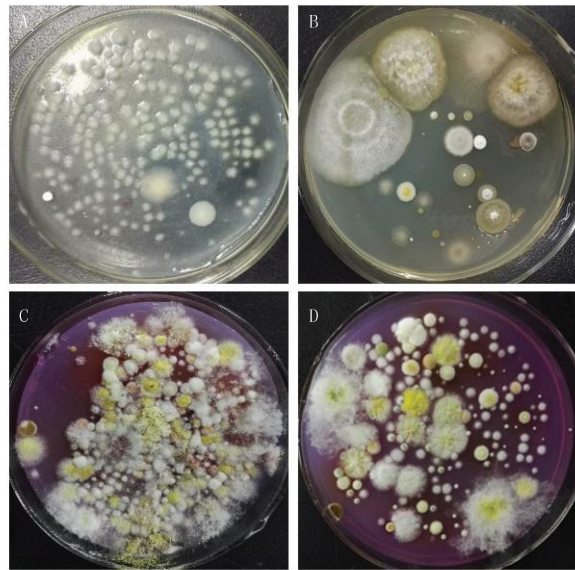


图1 气传细菌和真菌在培养基平板上的生长状况

Fig.1 Growth of airborne bacteria and fungi on the medium plates

表 2 校园和医院气传细菌和气传真菌的含量

Tab.2 The concentrations of airborne bacteria and airborne fungi in campus and hospital

样本类型	校园细菌	医院细菌	校园真菌	医院真菌
空气含菌量/($\text{cfu} \cdot \text{m}^{-3}$)	$2\ 326 \pm 34$	559 ± 83	$3\ 380 \pm 321$	$2\ 080 \pm 522$

校园和医院空气颗粒物样本高通量测序结果显示,校园空气中得到 152 383 个细菌 OTU 和 227 934 个真菌 OTU,医院空气中得到 137 485 个细菌 OTU 和 236 039 个真菌 OTU.通过对 OTU 序列在各分类水平下的分类得到细菌(图 2A)和真菌(图 2B)在校园和医院空气中的群落组成.对于气传细菌,在各个分类水平

下医院比学校都具有更高的种类数,这表明气传细菌在医院环境中更加多样和复杂;气传真菌的情况相反,除了门水平,在其他分类水平下校园的种类数均高于医院。

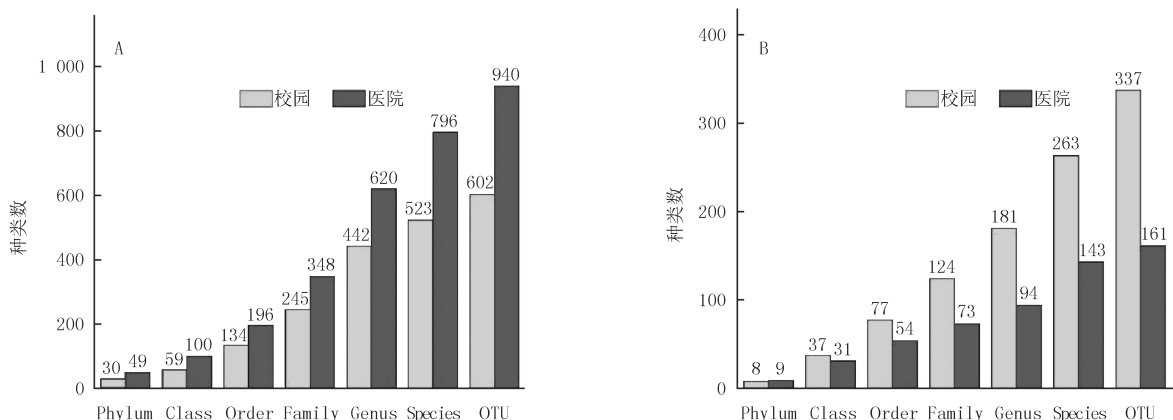


图2 校园和医院中的气传细菌和真菌在不同分类水平下的类群数
Fig.2 The numbers of airborne bacteria and fungi on campus and in hospitals at different levels of classification

此外,校园和医院气传细菌(图 3A)和真菌(图 3B)群落的 Alpha 多样性指数(Ace,Chao,Shannon 和 Simpson)也表明医院的气传细菌比校园具有更高的群落丰富度和多样性,气传真菌的则相反。

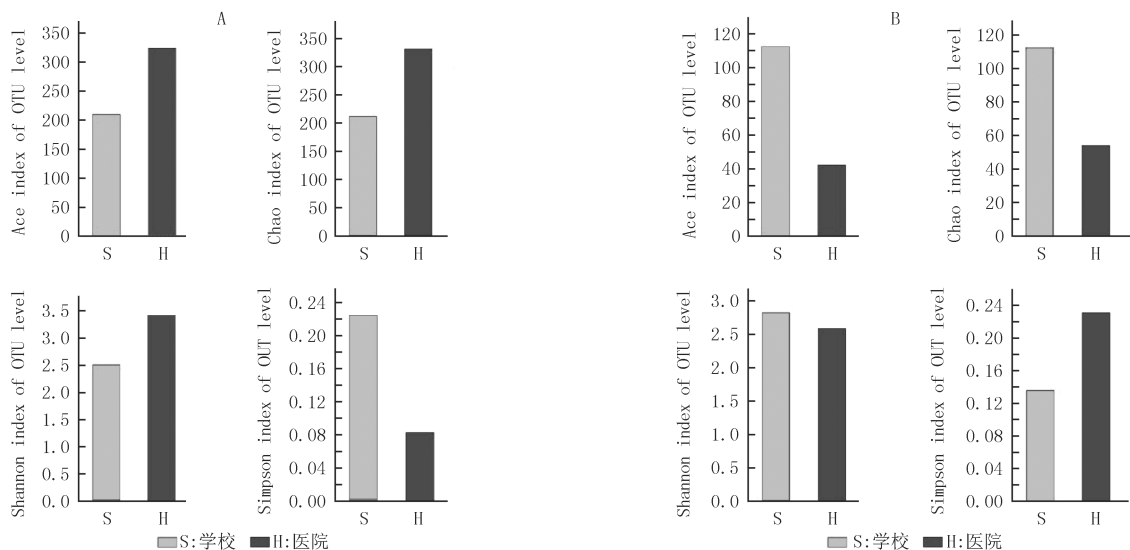


图3 校园和医院中气传细菌和真菌群落的Alpha多样性指数 (Ace,Chao,Shannon和Simpson)

Fig.3 The Alpha diversity index of airborne bacteria and fungi on campus and in hospital (Ace,Chao,Shannon and Simpson)

2.2 雾霾天气下医院和校园空气中的细菌群落组成

经过采样、纯化和鉴定,最终校园和医院分别获得气传细菌 12 株和 11 株,具体种类如表 3。

在属水平上,校园空气中可培养细菌主要包括芽孢杆菌属(*Bacillus*)、短状杆菌属(*Brachyacterium*)和沙雷氏菌属(*Serratia*),其中绝大部分属于芽孢杆菌属(*Bacillus*)。相比之下,医院空气中可培养细菌的类别更加多样,包括芽孢杆菌属(*Bacillus*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、沙雷氏菌属(*Serratia*)、微杆菌属(*Microbacterium*)、产碱杆菌属(*Alcaligenes*)和克雷伯氏菌属(*Klebsiella*)。

根据高通量测序的结果,在门水平上(图 4A),校园和医院空气中的优势菌(相对丰度大于 5%)种类相同,包括变形菌门(*Proteobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、异常球菌-栖热菌门(*Deinococcus-Thermus*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*)。其中,变形菌门(*Proteobacteria*)不论是在校园还是在

医院空气中,其相对丰度均为最高,分别是 56.17%和 36.98%;除了变形杆菌(*Proteobacteria*)外,厚壁菌门(*Firmicutes*)和异常球菌-栖热菌门(*Deinococcus-Thermus*)在校园的相对丰度分别为 17.65%和 9.82%,排在第二和第三位.而在医院空气中则是异常球菌-栖热菌门(*Deinococcus-Thermus*)(25.63%)和放线菌门(*Actinobacteria*)(19.92%).在属水平上(图 4B),校园和医院的细菌类群存在明显差异.校园空气颗粒物中的优势菌种(相对丰度大于 5%)按照相对丰度大小排列,依次是栖热菌属(*Thermus*)(23.4%)、甲基杆菌属(*Methylobacterium*)(16.53%)、微杆菌属(*Microbacterium*)(11.37%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)(7.16%)、雷尔氏菌属(*Ralstonia*)(6.38%)和红球菌属(*Rhodococcus*)(5.04%).医院空气颗粒物中的优势菌种依次为雷尔氏菌属(*Ralstonia*)(10.6%)、类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)(9.26%)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)(8.1%)、栖热菌属(*Thermus*)(7.56%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)(6.44%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)(6.4%)、甲基杆菌属(*Methylobacterium*)(5.83%)和大肠杆菌志贺菌属(*Escherichia-Shigella*)(5.38%).

表 3 校园和医院的气传细菌类群

Tab.3 Species of the airborne bacteria on campus and in hospital

校园气传细菌		医院气传细菌	
<i>Bacillus altitudinis</i>	芽孢杆菌属	<i>Bacillus altitudinis</i>	芽孢杆菌属
<i>Bacillus velezensis</i>	芽孢杆菌属	<i>Bacillus velezensis</i>	芽孢杆菌属
<i>Bacillus megaterium</i>	芽孢杆菌属	<i>Bacillus subtilis</i>	芽孢杆菌属
<i>Bacillus wiedmannii</i>	芽孢杆菌属	LJIY_s	芽孢杆菌属
CP013984_s	芽孢杆菌属	<i>Bacillus albus</i>	芽孢杆菌属
<i>Bacillus proteolyticus</i>	芽孢杆菌属	<i>Streptomyces tunisiensis</i>	链霉菌属
<i>Bacillus paralicheniformis</i>	芽孢杆菌属	<i>Streptomyces asenjonii</i>	链霉菌属
<i>Bacillus marisflavi</i>	芽孢杆菌属	<i>Serratia marcescens</i>	沙雷氏菌属
<i>Bacillus aryabhattai</i>	芽孢杆菌属	<i>Microbacterium arborescens</i>	微杆菌属
<i>Bacillus pseudomycooides</i>	芽孢杆菌属	<i>Alcaligenes faecalis</i>	产碱杆菌属
<i>Brachy bacterium horti</i>	短状杆菌属	<i>Klebsiella michiganensis</i>	克雷伯氏属
<i>Serratia nematodiphila</i>	沙雷氏菌属		

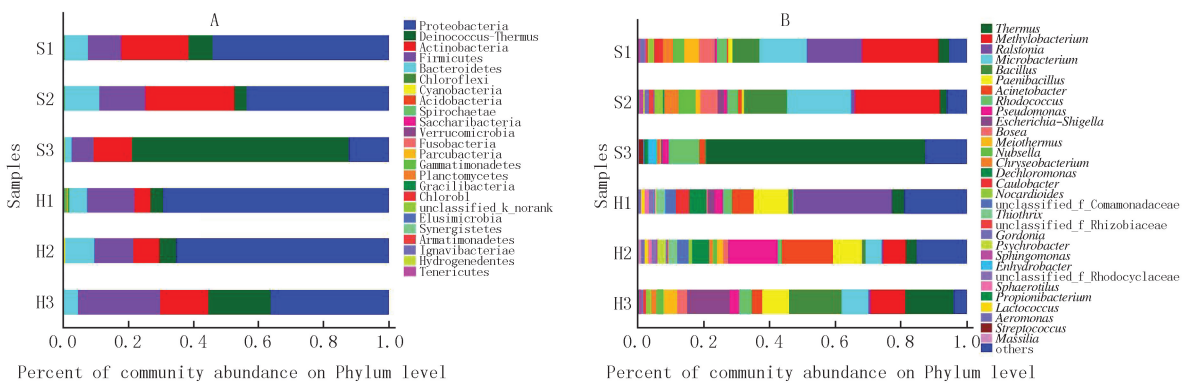


图 4 校园和医院中的气传细菌在门和属水平的群落组成(校园:S1, S2, S3;医院:H1, H2, H3)

Fig.4 The community compositions of airborne bacteria on campus and in hospital at the levels of phylum and genus (school:S1, S2, S3; hospital:H1, H2, H3)

分子生物学方法检测到的细菌类群明显高于通过培养方法得到的数据.同时也看到,通过培养方法获得的最多的芽孢杆菌属(*Bacillus*)在分子检测中也是优势菌群.此外校园空气中经培养得到的短杆菌属(*Brachy bacterium*)、沙雷氏菌属(*Serratia*)相对丰度分别占校园总细菌的 0.014%和 0.007%,医院空气中培养得到的链霉菌属(*Streptomyces*)、沙雷氏菌属(*Serratia*)、微杆菌属(*Microbacterium*)、产碱杆菌属(*Alcaligenes*)的相对丰度依次为 0.055%, 0.446%, 0.011%,均不是优势种群.另一方面,分子检测结果中相对丰度在医院和校园均较高的栖热菌属(*Thermus*)和甲基杆菌属(*Methylobacterium*)等并未在培养法中分离到.

2.3 雾霾天气下医院和校园空气中的真菌群落组成

培养法的结果显示,校园和医院的气传真菌类群在属水平上没有明显差异,主要分布于蓝状菌属(*Talaromyces*)、曲霉属(*Aspergillus*)、青霉属(*Penicillium*)和木霉属(*Trichoderma*),医院气传真菌从属于曲霉属(*Aspergillus*)、枝孢霉属(*Cladosporium*)、蓝状菌属(*Talaromyces*)、青霉属(*Penicillium*)和木霉属(*Trichoderma*)等属(表 4)。

表 4 校园和医院中气传真菌的主要类群

Tab.4 Species of the airborne fungi on campus and in hospital

校园气传真菌	<i>Talaromyces purpureogenus</i>	篮状菌属	医院气传真菌	<i>Cladosporium tenuissimum</i>	枝孢霉属
	<i>Talaromyces minioluteus</i>	篮状菌属		<i>Cladosporium anthropophilum</i>	枝孢霉属
	<i>Talaromyces radicus</i>	篮状菌属		<i>Talaromyces purpureogenus</i>	篮状菌属
	<i>Talaromyces variabilis</i>	篮状菌属		<i>Talaromyces radicus</i>	篮状菌属
	<i>Talaromyces funiculosus</i>	篮状菌属		<i>Penicillium funiculosum</i>	青霉属
	<i>Trichoderma asperellum</i>	木霉属		<i>Penicillium minioluteum</i>	青霉属
	<i>Penicillium funiculosum</i>	青霉属		<i>Aspergillus fumigatus</i>	曲霉属
	<i>Penicillium minioluteum</i>	青霉属		<i>Aspergillus niger</i>	曲霉属
	<i>Aspergillus niger</i>	曲霉属		<i>Aspergillus flavus</i>	曲霉属
	<i>Aspergillus flavus</i>	曲霉属		<i>Trichoderma asperellum</i>	木霉属

而分子生物学结果表明,气传真菌的群落组成在校园和医院两种环境中表现出明显的差异.在门分类水平(图 5A),校园空气颗粒物中的真菌绝大多数属于子囊菌门(*Ascomycota*),相对丰度高达 94.19%,其余的真菌属于担子菌门(*Basidiomycota*)和接合菌门(*Zygomycota*),相对丰度分别为 5.48%和 0.18%.担子菌门(*Basidiomycota*)和子囊菌门(*Ascomycota*)构成了医院气传真菌的群落组成,相对丰度分别占据总真菌群落的 56.7%和 42.52%.属水平上(图 5B),校园气传真菌相对丰度最高的是篮状菌属(*Talaromyces*),其相对丰度高达 33.55%,其他主要类群(相对丰度>1%)包括青霉属(*Penicillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、小戴卫菌属(*Davidiellaceae*)、镰刀霉属(*Fusarium*)、链格孢霉属(*Alternaria*)、木霉属(*Trichoderma*)、隐球菌属(*Cryptococcus*)和网络节担菌属(*Wallemia*),相对丰度依次为 19.49%、14.75%、6.49%、5.85%、3.42%、2.52%、2.04%和 1.39%.对于医院气传真菌群落,隐球菌属(*Cryptococcus*)占据着绝对的优势,相对丰度高达 36.12%,其他主要类群(相对丰度>1%)包括丝孢酵母菌属(*Trichosporon*)、曲霉属(*Aspergillus*)、篮状菌属(*Talaromyces*)、青霉属(*Penicillium*)、链格孢霉属(*Alternaria*)、镰刀霉属(*Fusarium*)、红冬孢酵母属(*Rhodospiridium*)、小戴卫菌属(*Davidiellaceae*)、红酵母属(*Rhodotorula*)、掷孢酵母属(*Sporobolomyces*)和木霉属(*Trichoderma*),相对丰度依次为 9.39%、7.59%、6.69%、6.41%、5.29%、4.67%、3.79%、3.15%、3.12%、1.23%和 1.20%(图 5)。

此外,气传真菌分子生物学检测结果与培养法采集和鉴定气传真菌的结果具有一致性,虽然培养的方法获得的真菌类群明显少于分子方法,但除了枝孢霉属(*Cladosporium*)外,获得的类群都是分子方法检测到的优势菌群.由此可见,蓝状菌属(*Talaromyces*)、木霉属(*Trichoderma*)、青霉属(*Penicillium*)和曲霉属(*Aspergillus*)是校园和医院空气颗粒物中气传真菌的主要菌属。

3 讨论

本研究通过采集空气颗粒物中的微生物并经过培养计数和分子生物学两种方法,对校园和医院空气中细菌及真菌的丰度和组成进行研究,从结果来看,雾霾天气下校园室外空气颗粒物中细菌和真菌浓度均明显高于医院室内环境.根据美国疾病控制预防中心调查,空气中游离菌数>500 cfu/m³时,就有发生感染的危险性^[25],本研究结果中不论是校园还是医院,空气微生物的浓度均远高于这一标准,说明雾霾天气下空气中的微生物具有危害人类健康的风险.而室外微生物浓度明显高于室内,这与医院大厅内环境相对封闭,以及定期消毒杀菌有关。

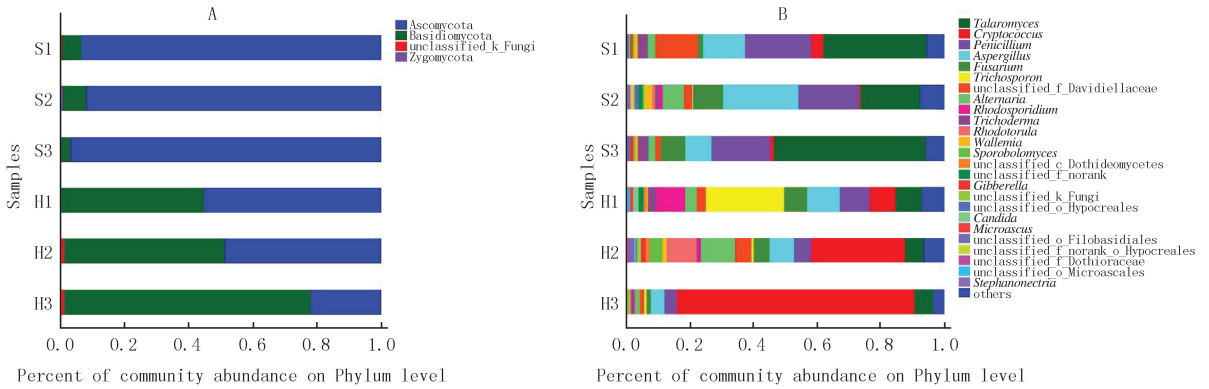


图5 校园和医院中的气传真菌在门和属水平的群落组成(校园:S1, S2, S3;医院:H1, H2, H3)

Fig.5 The community compositions of airborne fungi on campus and hospital at the levels of phylum and genus (school:S1, S2, S3;hospital:H1, H2, H3)

对比其他地区非雾霾天气和雾霾天气下空气微生物浓度,北京^[12]2013年雾霾颗粒物中的气传细菌和真菌的浓度范围分别是 $253\sim 2792\text{ cfu/m}^3$ 和 $141\sim 1961\text{ cfu/m}^3$;西安^[26]2014年雾霾颗粒物中气传细菌和真菌的浓度范围分别是 $1102.4\sim 1736.5$ 和 $1466.2\sim 1703.9\text{ cfu/m}^3$;非雾霾天气下,兰州^[27]2016年冬季空气中细菌和真菌浓度大约是 500 cfu/m^3 和 300 cfu/m^3 ,新乡地区冬季雾霾天气下空气微生物的浓度与其他多地区雾霾天气下空气微生物的平均浓度差异不大,但均高于空气质量良好时的空气微生物浓度,说明雾霾时微生物浓度增高与大气颗粒物的增多具有明显的相关性^[28]。

此外,培养和分子生物学测序两种方法所测得的雾霾天气下空气中细菌和真菌的多样性及群落组成结果具有一致性。对于气传细菌,两种方法都证明医院的细菌类群具有更高的多样性,对于气传真菌,培养法的结果显示校园和医院的真菌种类相似,但高通量测序结果显示校园的真菌多样性要高于医院。微生物多样性受外界环境因素的影响较大^[29-32],例如温度、湿度、风力、光照等,医院大厅虽然是相对稳定的密闭环境,但其中的微生物主要受来往人员的携带而传播,因此种类丰富;但对于真菌,受外界植被影响较大,受人为干扰较小,因此在户外校园空气中的种类比封闭的医院空气更复杂。前人的研究^[33-36]表明由于不同地区间的气候、季节、植被生长状况不同,空气中微生物群落组成会存在差异,绝大多数地区空气中主要的优势细菌属为芽孢杆菌属、微球菌属、微杆菌属、葡萄球菌属和假单胞菌属,优势真菌属为青霉菌属、枝孢霉属、链格孢霉属和曲霉属。从本文的研究结果来看,这些菌属在新乡雾霾天气下的空气中确实存在并且具有较高的相对丰富。

相对于培养法采集微生物的局限性,高通量测序更加全面真实地解析校园和医院空气中细菌和真菌的群落结构,除了培养法采集到的细菌和真菌外,分子方法检测到了校园空气细菌中的栖热菌属(*Thermus*)、甲基杆菌属(*Methylobacterium*)、雷尔氏菌属(*Ralstonia*)和红球菌属(*Rhodococcus*),医院空气细菌中的雷尔氏菌属(*Ralstonia*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、栖热菌属(*Thermus*)、甲基杆菌属(*Methylobacterium*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)(6.4%)和大肠杆菌志贺菌属(*Escherichia-Shigella*)(5.38%)以及真菌中隐球菌属(*Cryptococcus*)、链格孢霉属(*Alternaria*)、镰刀霉属(*Fusarium*)等菌属的高比例存在,而这些在培养的方法中没有得到。

值得注意的是,不论是培养法还是对总细菌真菌群落进行高通量测序,都发现了空气中存在丰度显著的致病菌,且相对于校园空气,医院空气中致病菌的丰度更高。例如,通过培养法从医院空气中采集并鉴定到的黏质沙雷菌(*Serratia marcescens*)属于机会性致病菌^[37,38],存在于人体的泌尿道和呼吸道中,在机体免疫功能低下时能引起肺炎、败血症、脑膜炎以及各类感染,且对多种抗生素耐药。另外,从高通量测序结果显示医院空气中不动杆菌属(*Acinetobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和大肠杆菌志贺菌属(*Escherichia-Shigella*)这三个属的相对丰度较高,相对丰度之和占到了细菌群落的19.88%。这三个菌属也是广泛被报道的机会致病菌^[39-42],具有多重耐药性,当人体抵抗力降低时易引起呼吸道感染、败血症、脑膜炎、心内膜炎、伤口及皮肤感染、泌尿生殖道感染,是引起医院内感染的重要致病菌。真菌群落测序结果显示,隐球菌属(*Cryptococcus*)在医院空气中占有相当高的相对丰度,这也与前人^[43]研究一致,说明医院气传真菌中隐球菌

占据很大比例。该菌是一种侵袭性真菌,广泛分布于自然界及动物体内,正常人体的体表、口腔、粪便中也可以分离到此菌。该属的部分真菌可导致自体免疫性疾病的机会性感染,全球每年报告约100万例隐球菌病,导致约62.5万人死亡,其在医院的广泛存在对医院免疫力低下患者的身体健康来说存在隐患^[44-46]。

除了致病菌外,一些致敏真菌,例如曲霉属(*Aspergillus*)、青霉属(*Penicillium*)、链格孢霉属(*Alternaria*)、镰刀霉属(*Fusarium*)和木霉属(*Trichoderma*)等近些年被普遍关注,被认为是空气中除了花粉以外的第二大过敏源^[47]。本研究这些感敏性真菌的相对丰度之和分别占校园和医院总真菌含量的46.03%和25.16%。通过培养法还在医院空气中采集到了烟曲霉(*Aspergillus fumigatus*),这是常见的侵袭性曲霉病分离菌^[48]。这些致敏真菌的孢子或分泌的真菌毒素接触人体后,会顺着呼吸道或经皮肤进入人体,能够引起哮喘、侵袭性真菌感染、真菌肺曲霉病、慢性鼻窦炎和鼻息肉等多种呼吸道变应性疾病^[49-57]。冬季花粉较少,致敏真菌在空气中的高丰度存在使其成为该季节的主要过敏源,而雾霾天气下,微生物随着颗粒物在空气中飘散和传播,更加重了敏感人群的身体负担。

本研究结果表明,雾霾天气下,大气中微生物的浓度较高,且存在相对丰度较高的致病菌和致敏菌,因此,长期在雾霾天气下暴露,各种呼吸性疾病、感染疾病和过敏疾病的发病率也会升高,这对于身体较弱的易感人群的健康来说是严重的隐患。

4 结 论

(1)相比于其他地区的空气微生物浓度,新乡市严重雾霾天气下空气颗粒物中细菌和真菌浓度较高,具有一定感染风险,其中校园室外空气颗粒物中细菌和真菌浓度均明显高于医院室内环境。

(2)通过培养和高通量测序结合的方法探究新乡市雾霾天气下校园和医院空气细菌和真菌的浓度及群落组成,结果显示新乡市与其他地区雾霾发生时微生物组成相似,群落多样性方面,医院环境中的细菌多样性明显高于校园环境,并且含有较大量的机会致病菌,是造成医院院内感染的重要原因;而校园环境中气传真菌的多样性高于医院环境,且作为导致冬季过敏重要致敏原的致敏真菌类群在其中占据较大比例。

(3)本研究通过调查雾霾天气下校园和医院的气传微生物群落组成及致病菌类型,有望在冬季雾霾发生时为学校学生和医院患者提供相关疾病的预防、诊断和治疗的依据。

参 考 文 献

- [1] 闫广轩,宋鑫,张靖雯,等.新乡市夏冬季节PM_{2.5}稳定碳同位素特征分析[J].环境科学,2020,41(1):82-89.
YAN G X, SONG X, ZHANG J W, et al. Analysis of stable carbon isotope characteristics of PM_{2.5} in summer and winter season in Xinxian city[J]. Environmental Science, 2020, 41(1): 82-89.
- [2] 王春喜.河南雾霾形成和持续的气象要素异同点分析[J].农业灾害研究,2016,6(2):36-38.
WANG C X. Analysis on differences and similarities of haze formation and continuous meteorological elements in Henan province[J]. Journal of Agricultural Catastrophology, 2016, 6(2): 36-38.
- [3] 孟娟.新乡市雾霾天气气候特征及防御措施[J].现代农业科技,2013(19):270-271.
MENG J. Climatic characteristics and defensive measures of fog and haze weather in Xinxian city[J]. Modern Agricultural Science and Technology, 2013(19): 270-271.
- [4] CHOW J C. Health effects of fine particulate air pollution: lines that connect[J]. Journal of the Air & Waste Management Association, 2006, 56(6): 707-708.
- [5] DANIEL D, STEFANIA I, ALIN P. Fine particulate matter in urban environments: a trigger of respiratory symptoms in sensitive children[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2016, 13(12): 1246-1263.
- [6] 邵聪聪,甄毓,米铁柱,等.青岛冬季霾天与非霾天大气细菌群落结构特征研究[J].城市环境与城市生态,2016,29(3):7-13.
SHAO C C, ZHEN Y, MI T Z, et al. Characterization of airborne bacterial communities in Qingdao during haze and non-haze episodes in winter[J]. Urban Environment & Urban Ecology, 2016, 29(3): 07-13.
- [7] 艾铄,张丽杰,肖芮颖,等.高通量测序技术在环境微生物领域的应用与进展[J].重庆理工大学学报(社会科学版),2018,32(9):111-121.
AI S, ZHANG L J, XIAO P Y, et al. Application and progress of high-throughput sequencing technology in the field of environmental microorganisms[J]. Journal of Chongqing University of Technology(Natural Science), 2018, 32(9): 111-121.
- [8] BROOK R D, FRANKLIN B, CASCIO W, et al. Expert Panel on Population and Prevention Science of the American Heart Association. Air pollution and cardiovascular disease: a statement for healthcare professionals from the Expert Panel on Population and Prevention Sci-

- ence of the American Heart Association[J].Circulation,2004,109(21):2655-2671.
- [9] 方治国,欧阳志云,胡利锋,等.北京市夏季空气微生物群落结构和生态分布[J].生态学报,2005,25(1):83-88.
FANG Z G,OUYANG Z Y,HU L F,et al.Community structure and ecological distribution of airborne microbes in summer in Beijing[J].Acta Ecology Sinica,2005,25(01):85-90.
- [10] 胡凌飞,李劲松,张柯,等.北京雾霾天气气溶胶中微生物气溶胶的浓度及粒径特征[J].环境科学,2015,36(9):3144-3149.
HU L F,LI J S,ZHANG K,et al.Concentration and particle size distribution of microbiological aerosol during haze days in Beijing[J].Environmental Science,2015,36(9):3144-3149.
- [11] 方治国,欧阳志云,赵景柱,等.北京城市空气细菌群落结构与动态变化特征[J].微生物学报,2006,46(4):618-623.
FANG Z G,OUYANG Z Y,ZHAO J Z,et al.Community composition and dynamics of airborne bacteria in Beijing[J].Acta Microbiologica Sinica,2006,46(04):115-120.
- [12] 高敏,仇天雷,贾瑞志,等.北京雾霾天气生物气溶胶浓度和粒径特征[J].环境科学,2014,35(12):4415-4421.
GAO M,QU T L,JIA R Z,et al.Concentration and size distribution of bioaerosols at non-haze and haze days in Beijing[J].Environmental Science,2014,35(12):4415-4421.
- [13] ANDERSON M A,NIKULIN M,KOLJALG U,et al.Bacteria, molds and toxins in water-damaged building materials[J].Applied Environmental Microbiology,1997,63(2):387-393.
- [14] KHULORDAVA I,MILLER G,HAAS D,et al.Identification of the bacterial etiology of culture-negative endocarditis by amplification and sequencing of a small ribosomal RNA gene[J].Diagnostic Microbiology and Infectious Disease,2003,46(1):0-11.
- [15] WHITE T J,BRUNS S L,TAYLOR J.Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[J].PCR Protocols,1990,38:315-322.
- [16] 胡虎.高效反硝化除磷反应器的运行及其机制研究[D].新乡:河南师范大学,2018.
HU H.Study on operation and mechanism of high efficiency denitrifying phosphorus removal reactor[D].Xinxiang:Henan Normal University,2018.
- [17] JIANG W,LIANG P,WANG B,et al.Optimized DNA extraction and metagenomic sequencing of airborne microbial communities[J].Nature Protocols,2015,10(5):768-779.
- [18] WANG Y,QIAN P Y,FIELD D.Conservative Fragments in Bacterial 16S rRNA Genes and Primer Design for 16S Ribosomal DNA Amplicons in Metagenomic Studies[J].PLoS ONE,2009,4(10):e74017.
- [19] 胡虎,杨清香.絮凝剂 PAC 对污水处理系统出水中细菌和噬菌体的沉降作用[J].河南师范大学学报(自然科学版),2018,46(5):97-102.
HU H,YANG Q X.Sedimentation effect of flocculant PAC on bacteria and phage in the effluent of sewage treatment system[J].Journal of Henan Normal University(Natural Science Edition),2018,46(5):97-102.
- [20] BELLEMAIN E,CARLSEN T,BROCHMANN C,et al.ITS as an environmental DNA barcode for fungi:an insilico approach reveals potential PCR biases[J].Bmc Microbiology,2010,10(1):189-197.
- [21] FAN L F,WANG Z L,CHEN M S,et al.Microbiota comparison of Pacific white shrimp intestine and sediment at fresh water and marine cultured environment[J].Science of the Total Environment,2019,657:1194-1204.
- [22] EDGAR R C,HAAS B J,CLEMENTE J C,et al.UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection[J].Bioinformatics(Oxford, England),2011,27(16):2194-200.
- [23] WANG Q,GARRITY G M,TIEDJE J M,et al.Nalve Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J].Applied and Environmental Microbiology,2007,73(16):5261-5267.
- [24] SCHLOSS P D,GEVERS D,WESTCOTT S L.Reducing the effects of PCR amplification and sequencing artifacts on 16S rRNA-based studies[J].PLoS One,2011,6(12):e27310.
- [25] 周园,王岚,刘新,等.医院空气微生物分布调查[J].中华医院感染学杂志,2011,21(19):4078-4079.
ZHOU Y,WANG L,LIU X,et al.Investigation on distribution of microorganisms in hospital air[J].Chin J Nosocomiol,2011,21(19):4078-4079.
- [26] LI Y P,FU H L,WANG W,et al.Characteristics of bacterial and fungal aerosols during the autumn haze days in Xi'an,China[J].Atmospheric Environment,2015,122:439-447.
- [27] 姜金融.兰州市不同功能区空气中微生物浓度分布特征及其多样性[D].兰州:兰州交通大学,2017.
JIANG J R.The characteristics of concentration distribution and the diversity of airborne microbes at different functional regions in Lanzhou city[D].Lanzhou:Lanzhou Jiaotong University,2017.
- [28] 司恒波.微生物气溶胶与大气细颗粒物的相关性研究[D].西安:长安大学,2014.
SI H B.Correlation of microbial aerosols and atmospheric fine particles[D].Xi'an:Changan University,2014.
- [29] 张旭.空气微生物群落结构组成及影响因素研究[D].杭州:浙江大学,2016.
ZHANG X.Structure of airborne microbial community and influencing factors[D].Hangzhou:Zhejiang University,2016.
- [30] 张昊.典型城市空气气溶胶中微生物的群落结构及环境因素影响研究[D].杭州:浙江大学,2018.

- ZHANG H.Study of airborne microbial community structure and environmental factors in typical urban airborne particles[D].Hangzhou: Zhejiang University,2018.
- [31] 方治国,欧阳志云,胡利锋,等.室外空气细菌群落特征研究进展[J].应用与环境生物学报,2005,11(1):123-128.
FANG Z G,OUYANG Z Y,HU L F,et al.Advance in characteristics of airborne bacteria communities in outdoor environment[J].Chin J Appl Environ Biol,2005,11(1):123-128.
- [32] 方治国,欧阳志云.城市室内外空气真菌群落及影响因素研究进展[J].生态环境学报,2009,18(1):386-393.
FANG Z G,OUYANG Z Y.Advance of airborne fungal community and the influencing factors in indoor and outdoor environments in urban ecosystem[J].Ecology and Environmental Sciences,2009,18(1):386-393.
- [33] 孙平勇,刘雄伦,刘金灵,等.空气微生物的研究进展[J].中国农学通报,2010,026(11):336-340.
SUN P Y,LIU X L,LIU J L,et al.Recent research progress on air microorganisms[J].Chinese Agricultural Science Bulletin,2010,026(11):336-340.
- [34] 王琳,宋志文,徐爱玲,等.青岛市秋季空气微生物群落多样性[J].应用生态学报,2015,26(4):1121-1129.
WANG L,SONG ZW,XU A L,et al.Phylogenetic diversity of airborne microbes in Qingdao downtown in autumn[J].Chinese Journal of Applied Ecology,2015,26(4):1121-1129.
- [35] 周单红,马世锋,王少登,等.4种景观林对空气微生物的抑制作用[J].浙江农林大学学报,2010,27(1):93-98.
ZHOU D H,MA S F,WANG S D,et al.Inhibition against airborne microbes in four stand types[J].Journal of Zhejiang Forestry College,2010,27(1):93-98.
- [36] 赵亚冰.青岛市市区街道和人工湿地空气细菌群落结构研究[D].青岛:青岛理工大学,2015.
ZHAO Y B.Studies on air bacterial community structure at urban streets and wetland in Qingdao[D].Qingdao:Qingdao University of Technology,2015.
- [37] MURDOCH S L,TRUNK K,ENGLISH G,et al.The opportunistic pathogen *Serratia marcescens* Utilizes type VI secretion to target bacterial competitors[J].Journal of Bacteriology,2011,193(21):6057-6069.
- [38] MARAGAKIS L L,WINKLER A,TUCKER M G L,et al.Outbreak of multidrug-resistant *Serratia marcescens* infection in a Neonatal Intensive Care Unit[J].Infection Control & Hospital Epidemiology,2008,29(5):418-423.
- [39] VISCA P,SEIFERT H,TOWNER K J.Acinetobacter infection-an emerging threat to human health[J].IUBMB Life,2011,63(12):1048-1054.
- [40] PITCHER-WILMOTT R W,LEVINSKY R J,GORDON I,et al.Pseudomonas infection,allergy,and cystic fibrosis[J].Archives of Disease in Childhood,1982,57(8):582-586.
- [41] PARAMESWARAN G I,SETHI S.Pseudomonas infection in chronic obstructive pulmonary disease[J].Future Microbiology,2012,7(10):1129-1132.
- [42] ZHU Y,LI L,ZHANG Y X.Clinical and etiological characteristics of bacterial infectious diarrhea:Analysis of 216 cases[J].World Chinese Journal of Digestology,2017,25(2):190-193.
- [43] 李燕明,佟训祺,许宏涛,等.Illumina高通量测序技术检测医院内空气中微生物[J].温州医科大学学报,2015,45(6):437-439.
LI Y M,TONG X L,XU H T,et al.Monitor of airborne hospital environment by Illumina high-throughput sequence[J].Journal of Wenzhou Medical University,2015,45(6):437-439.
- [44] WIESNER D L,SMITH K D,KASHEM S W,et al.Different Lymphocyte Populations Direct Dichotomous Eosinophil or Neutrophil Responses to Pulmonary *Cryptococcus* Infection[J].Journal of Immunology,2017,198(4):1627-1637.
- [45] ESHAR D,MAYER J,PARRY N M,et al.Disseminated,histologically confirmed *Cryptococcus* spp infection in a domestic ferret[J].Journal of the American Veterinary Medical Association,2010,236(7):770-774.
- [46] MACDOUGALL L,FYFE M,ROMNEY M,et al.Risk factors for *Cryptococcus gattii* infection,British Columbia,Canada[J].Emerging Infectious Diseases,2011,17(2):193-199.
- [47] HORNER W E,HELBLING A,SALVAGGIO J E,et al.Fungal Allergens[J].Clinical Microbiology Reviews,1995,8(2):161-179.
- [48] LATGE J P.*Aspergillus fumigatus* and aspergillosis[J].Clinical Microbiology Reviews,2009,12(2):310-350.
- [49] HANSEN M Y,WOLD J K,PAULSEN B S,et al.Allergens in *Aspergillus fumigatus*:Characterization of two different allergen extracts and evaluation of their stability and the importance of carbohydrate for IgE binding[J].Allergy,2010,49(4):235-241.
- [50] HEDAYATI M T,PASQUALOTTO A C,WARN P A,et al.*Aspergillus flavus*:human pathogen,allergen and mycotoxin producer[J].Microbiology,2007,153(6):1677-1692.
- [51] DOEKES G,KAMMINGA N,HELWEGEN L,et al.Occupational IgE sensitisation to phytase,a phosphatase derived from *Aspergillus niger*[J].Occupational & Environmental Medicine,1999,56(7):454-459.
- [52] BUNDY K W,GENT J F,BECKETT W,et al.Household airborne *Penicillium* associated with peak expiratory flow variability in asthmatic children[J].Annals of Allergy Asthma & Immunology,2009,103(1):26-30.
- [53] SHEN H D,CHOU H,TAM M F,et al.Molecular and immunological characterization of Pench 18,the vacuolar serine protease major al-

- lergen of *Penicillium chrysogenum*[J]. *Allergy*, 2003, 58(10):993-1002.
- [54] SERDAL S M, VEENA K, MAKONNEN A, et al. Isolation, expression and characterization of a minor allergen from *Penicillium crustosum*[J]. *Medical Mycology*, 2013, 52(1):81-89.
- [55] HALONEN M, STERN D A, WRIGHT A L, et al. *Alternaria* as a major allergen for asthma in children raised in a desert environment [J]. *American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine*, 1997, 155(4):1356-1361.
- [56] MARTA F G, IDOIA P, CANDIDA T T, et al. *Alternaria alternata* allergens: markers of exposure, phylogeny and risk of fungi-induced respiratory allergy[J]. *Environment International*, 2016, (89/90):71-80.
- [57] CHOU H, WU K G, YE H C C, et al. The transaldolase, a novel allergen of *Fusarium proliferatum*, Demonstrates IgE Cross-Reactivity with Its Human Analogue[J]. *Plos One*, 2014, 9(7):e103488.

Analysis of the airborne microbial communities in hospitals and campus under winter severe haze in Xinxiang

Yang Qingxiang^{1a,1b}, Xin Yuan^{1a}, Li Huijun², Wang Ruimin^{1a,1b}

(1.a.College of Life Science; b.Henan International Joint Laboratory of Agricultural Microbial Ecology and Technology, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China; 2.School of Public Health, Xinxiang Medical University, Xinxiang 453003, China)

Abstract: In this study, atmospheric particulates were collected from campus outdoor environments and hospital outpatient service hall during severe haze weather from December 2017 to January 2018, and the community composition of airborne microorganisms in the atmospheric particulates was investigated by microbial culture and molecular biology methods. The results showed that the average concentrations of airborne microorganisms in campus outdoor environments were higher than those in hospital outpatient service halls. Besides, the diversity of airborne bacteria in the hospital was higher than that in the campus, while the diversity of airborne fungi was higher in the campus than that in the hospital. It's worth noting that high abundance of opportunistic pathogenic microorganisms and allergic fungi were detected, such as *Serratia marcescens*, *Cryptococcus* in hospital and some allergic fungi, *Aspergillus*, *Penicillium*, *Alternaria*, *Fusarium*, and *Trichoderma* with high relative abundance in both campus and hospital. The results of this study can provide theoretical basis for the clinical diagnosis, prevention and treatment of school students and hospital patients with infections, allergies and other diseases in severe haze weather.

Keywords: haze; atmospheric particulates; microbial community; opportunistic pathogenic microorganisms; allergic fungi

[责任编辑 王凤产 杨浦]

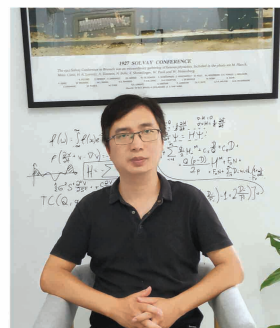


本期专家介绍



刘国兵,河南师范大学教授,硕士生导师,外国语学院副院长.毕业于北京外国语大学,获外国语言学及应用语言学专业博士学位.研究方向为语料库语言学、计算语言学.中国语料库语言学会常务理事、国际应用语言学学会会员,全国中学通用教材《英语》(新标准初一至高三必修 CD-ROM)核心编委,河南省教师教育专家,河南省中等职业教育师资培训专家,河南省高级翻译人才库副召集人.主持国家社科基金项目、教育部人文社科项目、河南省哲学社科项目等省部级以上项目 10 项;在国内外期刊发表学术论文 40 余篇;出版专著 3 部、译著 2 部、教材 8 部.2014 年入选“河南省科技创新人才支持计划”,同年被授予河南省青年五四奖章.2018 年被评为全国教育硕士优秀教师.

吴健聘,扬州大学教授,博士生导师.2012 年毕业于北京师范大学获博士学位,2012 年 8 月至 2013 年 9 月在韩国西江大学量子时空中心从事博士后研究.2012 年 7 月至 2018 年 4 月在渤海大学从事科研和教学工作.2018 年 4 月起,进入扬州大学引力与宇宙学研究中心,从事科研与教学工作,入选扬州大学拔尖人才成长计划.主要从事引力的全息性质、规范引力对偶及其应用、量子引力、黑洞物理学等研究.在 *Phys Rev Lett*, *Phys Rev D*, *JHEP* 等国际物理期刊发表 SCI 学术论文 70 余篇,论文总引用达 1 400 多次,H 指数为 22,扩展版 ESI 高被引论文(扩展至前 3%) 3 篇.先后入选辽宁省杰出青年学者成长计划,辽宁省“百千万人才工程”千人层次,获中国引力与相对论天体物理学会 2013 年度青年学者优秀论文奖并列三等奖.主持国家自然科学基金项目 2 项.



杨清香,河南师范大学特聘教授,博士生导师,河南师范大学生态学 and 微生物学学科带头人,河南省农业微生物生态与技术国际联合实验室主任,河南省黄河流域生态工程技术研究中心主任,黄淮水环境与污染防治省部共建教育部重点实验室学术带头人,资源微生物与功能分子河南省科技创新型团队带头人,教育部“新世纪优秀人才支持计划”获得者,河南省科技创新杰出青年计划获得者,河南省科技创新杰出人才计划获得者,河南省教育厅学术技术带头人,中国生态学会微生物生态专业委员会委员,河南省生物工程学会副理事长.国家自然科学基金的通讯评审专家,国际多家 SCI 期刊评审专家,河南省“师德标兵”获得者,河南省“五一”劳动奖章获得者.

杨清香博士 1988 年毕业于河南师范大学,1997 年在武汉大学获得硕士学位,2003 年在中国科学院生态环境研究中心环境水质学国家重点实验室获得博士学位.先后在德国亥姆霍兹环境健康研究中心慕尼黑中心、澳大利亚昆士兰大学高级水管理中心、日本独立行政法人高级产业技术研究院、美国肯塔基大学食品土壤与环境学院等单位从事合作研究和访问学者工作.目前主持完成和在研 NSFC-河南省联合基金重点项目 1 项、国家自然科学基金面上项目 4 项,主持完成教育部新世纪优秀人才支持计划、教育部博导基金、河南省杰出青年基金、河南省杰出创新人才计划、河南省高校创新团队项目以及科技部重点基础研究发展计划“973 计划”子课题等项目 10 余项,发表学术论文 100 余篇,其中在 SCI 一区、二区发表论文 40 余篇,发明国家专利 8 件(5 件授权),主持获得河南省科技进步二等奖 1 项,成果鉴定 3 项,编写著作 5 部.