

基于宏基因组测序的星级酒店集中空调系统微生物污染特征

刘永萍¹, 丁一辰^{2a}, 王凯^{2a}, 张莉君^{2a}, 苏瑾^{2b}

1. 复旦大学公共卫生学院, 上海 200032

2. 上海市疾病预防控制中心 a. 公共服务与健康安全评价所 b. 健康危害因素监测与控制所, 上海 200336

摘要:

[背景] 公共场所集中空调通风系统(集通系统)的使用有利于改善室内空气质量, 增加人群体感舒适度。但是, 集通系统也可能成为室内空气致病微生物污染的潜在载体。

[目的] 了解星级酒店集通系统微生物污染特征及病原微生物分布特点, 为有效控制其污染提供依据。

[方法] 按照 WS 394—2012《公共场所集中空调通风系统卫生规范》要求, 在 2020 年 9 月 9 日随机选取上海市中心城区 2 家星级酒店(A 和 B)的 2 套集通系统(启用年代分别为 2002 年、1998 年)进行送风中微生物和送风中可吸入颗粒物(PM₁₀)、风管内表面积尘量和微生物、冷却水和冷凝水中嗜肺军团菌等卫生学评价。同时在每套集通系统采集风管内表面样品 3 件, 滤网表面、冷凝水、冷却水样品各 1 件, 2 套集通系统共采集 12 件样品进行 Illumina HiSeq 宏基因组测序, 依据样品类型将其分为 3 组: 风管组、滤网组、水样组。计算 α 多样性指数(包括 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数、ACE 指数、良好覆盖指数), 反映微生物群落组成特征; 通过主成分分析研究 3 组的 β 多样性, 确定各组样品微生物群落相似程度。

[结果] 酒店 A 集通系统送风中细菌总数、真菌总数最大值分别为 1158、344 CFU·m⁻³, 酒店 B 分别为 2000、532 CFU·m⁻³。两酒店 β -溶血性链球菌均未检出, 送风中可吸入颗粒物、风管内表面微生物及积尘量、冷却水和冷凝水样品中嗜肺军团菌指标均符合卫生标准要求。Illumina HiSeq 宏基因组测序结果表明, 12 个样本中共测得 17322 种微生物, 其中细菌微生物群占已分类基因的 97.31%, 其余 2.69% 来自真菌、病毒和寄生虫。在种水平上, 表皮葡萄球菌、假单胞菌、链格孢菌、马拉色菌等为本次调查测得的优势微生物类群。 α 多样性分析结果表明 3 组样品的 Shannon、Simpson、Chao1、ACE 指数值均为风管 > 滤网 > 水样。各组样品良好覆盖指数均接近于 1。主成分分析表明, 两个主成分贡献率分别为 19.27%、14.25%, 其中, 滤网及风管组样品较好地聚为一类。

[结论] 2 家星级酒店除集通系统送风中微生物污染较严重外, 总体卫生状况良好。宏基因组测序发现集通系统微生物类群结构复杂, 物种组成包括细菌、真菌、病毒和寄生虫等; 不同类型样品物种组成有差别, 滤网和风管的样品物种组成接近且以人源性病原微生物为主, 提示集通系统潜在的生物安全隐患不容忽视。

关键词: 宏基因组学; 集中空调系统; 微生物污染; 酒店

Microbial contamination characteristics of centralized air conditioning systems in star-rated hotels based on metagenomic sequencing LIU Yongping¹, DING Yichen^{2a}, WANG Kai^{2a}, ZHANG Lijun^{2a}, SU Jin^{2b} (1. School of Public Health, Fudan University, Shanghai 200032, China; 2.a. Institute of Public Service and Health Safety Evaluation b. Division of Health Risk Factors Monitoring and Control, Shanghai Municipal Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200336, China)

Abstract:

[Background] The use of heating and ventilation air conditioning (HVAC) in public places is conducive to improving indoor air quality and increasing the users comfort level. However, HVAC may also become potential carriers of indoor airborne microbial contamination.

[Objective] To understand the characteristics of microbial pollution and distribution of related pathogenic microorganisms in HVAC of star-rated hotels, and to provide a basis for effective control



DOI 10.11836/JEOM22004

基金项目

国家环境保护新型污染物环境健康影响评价重点实验室开发基金项目(SEPKL-EHIAEC-202210)

作者简介

刘永萍(1995—), 女, 硕士生;
E-mail: 20211020071@fudan.edu.cn

通信作者

张莉君, E-mail: zhanglijun@scdc.sh.cn
苏瑾, E-mail: sujin@scdc.sh.cn

伦理审批 不需要

利益冲突 无申报

收稿日期 2022-01-06

录用日期 2022-08-18

文章编号 2095-9982(2022)11-1284-07

中图分类号 R126

文献标志码 A

补充材料

www.jeom.org/article/cn/10.11836/JEOM22004

►引用

刘永萍, 丁一辰, 王凯, 等. 基于宏基因组测序的星级酒店集中空调系统微生物污染特征 [J]. 环境与职业医学, 2022, 39(11): 1284-1290.

►本文链接

www.jeom.org/article/cn/10.11836/JEOM22004

Funding

This study was funded.

Correspondence to

ZHANG Lijun, E-mail: zhanglijun@scdc.sh.cn
SU Jin, E-mail: sujin@scdc.sh.cn

Ethics approval Not required

Competing interests None declared

Received 2022-01-06

Accepted 2022-08-18

Supplemental material

www.jeom.org/article/en/10.11836/JEOM22004

► To cite

LIU Yongping, DING Yichen, WANG Kai, et al. Microbial contamination characteristics of centralized air conditioning systems in star-rated hotels based on metagenomic sequencing [J]. Journal of Environmental and Occupational Medicine, 2022, 39(11): 1284-1290.

► Link to this article

www.jeom.org/article/en/10.11836/JEOM22004

of such pollution.

[Methods] According to the requirements of the *Hygienic specification of central air conditioning ventilation system in public buildings* (WS 394-2012), two sets of HVAC in two star-rated hotels (A and B, inaugurated in 2002 and 1998, respectively) in the central area of Shanghai were randomly selected on September 9, 2020 for the hygienic evaluation of microorganisms in the air supply and respirable particulate matter (PM₁₀) in the air supply, dust accumulation and microorganisms on the inner surface of the ducts, as well as *Legionella pneumophila* in cooling water and condensate water. At the same time, 3 samples from the inner surface of ducts, 1 sample from the surface of the filter, 1 sample from the condensate, and 1 sample from the cooling water were collected from each set of HVAC, a total of 12 sample from 2 sets of HVAC, for Illumina HiSeq metagenomic sequencing, and the samples are divided into 3 groups according to their types: duct group, filter group, and water sample group. The α -diversity indices (Shannon index, Simpson index, Chao1 index, ACE index, and goods_coverage index) were calculated to reflect the microbial community composition; and the β -diversity of the three groups were studied by principal component analysis to determine the similarity of the microbial communities.

[Results] The maximum total number of bacteria and fungi in the air supply of the HVAC were 1 158 CFU·m⁻³ and 344 CFU·m⁻³ for Hotel A respectively; and 2 000 CFU·m⁻³ and 532 CFU·m⁻³ for Hotel B respectively. β -hemolytic streptococci were negative in all samples; the respirable particulate matter, microorganisms and dust accumulation on the inner surface of air ducts, *Legionella pneumophila* IN cooling water and condensate samples all met the standards. The results of Illumina HiSeq sequencing showed that a total of 17 322 microorganisms were reported in the 12 samples, with bacterial microbiota accounting for 97.31% of the classified genes and the remaining 2.69% were from fungi, viruses, and parasites. At the species level, *Staphylococcus epidermidis*, *Pseudomonas*, *Alternaria*, and *Malassezia* were the dominant microbial taxa measured in this survey. The results of α -diversity analysis showed that the values of Shannon index, Simpson index, and Chao1 index for the three groups of samples were duct > filter > water sample. The goods coverage indices of all sample groups were close to 1. The principal component analysis showed that the contributions of two principal components were 19.27% and 14.25%, respectively, in which the samples of the filter and duct groups were better clustered into one category.

[Conclusion] The overall hygiene conditions of the two hotels are good, except for the serious microbial contamination in the air supply of HVAC. Metagenomic sequencing reveals complex microbial communities of HVAC, including bacteria, fungi, viruses, and parasites. The species composition vary by sample groups, particularly the species compositions of the samples from filters and ducts are close and dominated by pathogenic microorganisms of human origin, suggesting that the potential biosafety hazards of HVAC should not be ignored.

Keywords: metagenomics; centralized air conditioning system; microbial contamination; hotel

随着居民生活水平的提高以及公共场所集中空调通风系统的广泛使用,集中空调系统引起的室内空气质量问题越来越受到人们重视。既往研究表明,由集中空调系统引发的室内空气质量问题占空气质量污染问题总数的 53%^[1]。这一问题导致了室内空气质量的恶化并且对公共卫生安全造成潜在风险。当过多污染物颗粒悬浮于空气中,环境中的有害物质就可能通过集中空调的循环作用实现广泛扩散、传播^[2]。因此,探索集中空调系统内微生物的污染特征非常重要。

传统方法主要通过人工培养鉴定的方法判定集中空调系统的微生物污染程度^[3-4]。但当前大部分微生物培养条件并不具备^[5],因此采用传统培养方法研究微生物群落结构特征存在一定局限性^[6]。随着现代技术的发展,以宏基因组为代表的高通量测序技术已在生命科学、农学、临床医学、公共卫生等各个领域取得了广泛应用。国外相关研究多聚焦于应用扩增子测序技术分析空调系统中细菌群落和真菌群落的结构分布特征。Sibanda 等^[7]通过高通量测序对大学室内空调系统过滤网灰尘样品的细菌群落结构及其潜在功能进行了研究。研究人员利用扩增子测序技术对美

国住宅场所^[8]及零售商店^[9]的空调系统滤网开展相关环境微生物组研究。目前,国内相关领域研究尚不多见。

本研究选取上海市 2 家大型酒店空调系统开展宏基因组测序研究,同时结合公共场所集中空调系统污染调查指标探讨星级酒店空调系统卫生状况,从而为了解集中空调系统优势微生物类群及有效控制其污染提供依据。

1 对象与方法

1.1 对象

随机选取上海市中心城区 2 家星级酒店 A、B,再从 A、B 中各随机选取 1 套集通系统作为研究对象(启用年代分别为 2002 年、1998 年)。A、B 两地相距 10 km,其中 A 为五星级,设有客房 216 间;B 为四星级,设有客房 348 间。A、B 集通系统设计均为全空气型;两家酒店均设有餐厅、健身房、商务中心、停车场等服务设施,可以作为星级酒店代表。

1.2 方法

1.2.1 样品采集 2020 年 9 月 9 日,依据 WS 394—

2012《公共场所集中空调通风系统卫生规范》^[10](以下简称《规范》)要求,在 A、B 集通系统正常运行时段,采用撞击法采集送风中细菌总数、真菌总数、 β -溶血性链球菌样品各 3 件;采用光散射式粉尘仪测定集通系统送风中可吸入颗粒物质量浓度,共获取样品 6 件;采用拭子擦拭法采集风管内表面细菌总数、真菌总数、积尘量样品各 6 件;采用无菌瓶采样法采集冷却塔处冷却水样品各 1 件、空调机组处冷凝水样品各 1 件。A、B 集通系统各采集常规样品 32 件,共计样品 64 件。

采样当天在 A、B 集通系统正常运行时段,采集冷却塔处冷却水样品各 1 件,机组处冷凝水样品各 1 件,空调滤网处物体表面样品各 1 件,回风管处物体表面样品各 1 件,送风管处物体表面样品各 2 件;A、B 共采集测序样品 12 件。空调水样采用 500 mL 无菌采样瓶进行收集;物体表面样品采用无菌拭子擦拭法^[11]采样后置于 5 mL 无菌采样管保存,单个样品采样面积 5 cm \times 5 cm。A、B 测序样品采样详情见补充材料表 S1。以上过程均无菌操作,所有样品采集后置于 -20 °C 保存并于 24 h 内运回实验室进行宏基因组测序分析。

1.2.2 常规样品检测项目及微生物培养 依据《规范》要求,检测项目包括集通系统送风中细菌总数、真菌总数、 β -溶血性链球菌、可吸入颗粒物;风管内表面细菌总数、真菌总数、积尘量;冷凝水和冷却水中嗜肺军团菌。细菌采用普通营养琼脂培养基 37 °C 培养 48 h;真菌采用沙氏培养基 28 °C 培养 72~120 h; β -溶血性链球菌采用血琼脂培养基 35~37 °C 培养 24~48 h;嗜肺军团菌采用 GVPC 琼脂培养基(GVPC agar base) 35~37 °C 培养^[12]。培养结束后,统计送风中细菌总数、送风中真菌总数、送风中 β -溶血性链球菌、风管内表面细菌总数、风管内表面真菌总数、冷凝水和冷却水中嗜肺军团菌指标检测结果。

1.2.3 测序样品 DNA 提取、构建基因组文库及 Illumina HiSeq 高通量测序 将采集的空调系统水样通过直径 0.22 μ m 滤膜抽滤,随后将滤膜用无菌剪刀剪碎,使用 TIANamp Micro DNA Kit 试剂盒(中国天根)提取 DNA,打断至 150 bp 大小的片段^[12]。将采集的拭子样品溶解在 10 mL 磷酸缓冲盐溶液(PBS)中,然后进行离心沉淀,使用 TIANamp Micro DNA Kit 试剂盒(中国天根)提取 DNA。用提取的总 DNA 经 1%琼脂糖凝胶电泳检测完整性,超微量分光光度计(美国 Thermo)检测浓度,检测合格(DNA 质量浓度 \geq 30 ng $\cdot\mu$ L⁻¹,DNA 质量 \geq

3 μ g)后 -20 °C 保存,用于后续 Illumina HiSeq 测序^[13]。Illumina HiSeq 测序采用可逆终止法的边合成边测序技术,将打断后的核酸片段通过末端修复,接头连接,无差别聚合酶链式反应(PCR)扩增后完成建库,使用 Illumina HiSeq 高通量测序仪 MGISEQ-2000(中国华大基因)进行测序^[14]。

1.3 数据分析

将高通量原始测序数据经过质控后得到高质量的有效读长,使用 MetaPhlan2 软件^[15]进行种类注释,统计测序数据有效读长信息,包括总读长、总基数及平均读长,高通量解析空调系统微生物的组成与数量。其中, α 多样性和 β 多样性是描述生态环境内物种多样性程度、丰富度和均匀度的两个指标。 α 多样性反映样品中微生物的丰富度和均匀度,本研究将 12 个测序样品分为水样组、滤网组、风管组,每组样本量分别为 4、2、6 个,通过 R 4.1.0 软件^[16]绘制酒店空调系统 3 组类型样品 α 多样性指数,包括 Shannon、Simpson、Chao1、ACE、良好覆盖指数 5 个指标。Shannon 指数反映样品中微生物的丰富程度^[17],其值越大则丰富度越高;Simpson 指数用于描述样品中微生物多样性,其值越大,说明群落多样性越高;Chao1 指数常用来估计物种总数;ACE 指数用于衡量样本中物种种类数量,其值越大,表明环境中物种越丰富;良好覆盖指数指各样品文库的覆盖率,取值范围 0~1,其数值越高,则样本中序列没有被测出的概率越低,该指数反映测序结果是否代表样本的真实情况。 β 多样性反映物种组成在时空尺度上的变化,代表样品间(组间)微生物组成的相似程度,采用 Jaccard^[18]相似度算法,通过主成分分析(principal component analysis, PCA)来体现。以上分析通过 R 4.1.0 实现^[16-19]。

1.4 集通系统测序样品质量控制

宏基因组测序样本数据平均读长 100 bp;本次宏基因组测序共产生有效数据 137 GB,单样品有效数据约为 11.42 GB。对测试样品进行序列拼接和匹配,共获得 782 432 165 个高质量的基因序列。优化的序列和样品的平均长度如补充材料表 S2 所示,样品的文库覆盖度较高,可以获得样品中更全面的微生物信息。使用 denovo2^[20]对有效读长进行迭代拼接,得到若干个更长的片段;使用 MetaGeneMark2^[21]对这些片段进行基因预测,将预测出来的基因使用 CD-HIT v4.6.8^[22]软件进行聚类,得到非冗余基因集用于生物信息学分析。

2 结果

2.1 空调系统卫生指标检测结果

采样当天, A、B 环境温度分别为 28.7、24.5 °C; 相对湿度分别为 69.0%、62.4%。A、B 集通系统卫生指标检测结果参见表 1。由表 1 知, A 酒店集通系统送风中细菌总数、B 酒店集通系统送风中细菌总数及真菌总数不符合《规范》要求, 不合格指标检测结果见补充材料表 S3, 其余检测指标符合要求。

表 1 A、B 酒店集通系统卫生指标检测结果
Table 1 Test results of HVAC index of A and B hotels

检测指标	样本量	标准值	A酒店		B酒店	
			范围	合格数	范围	合格数
送风中细菌总数/ (CFU·m ⁻³)	3	≤500	70~1158	1	1079~2000	0
送风中真菌总数/ (CFU·m ⁻³)	3	≤500	235~344	3	55~532	1
送风中β-溶血性链球菌/ (CFU·m ⁻³)	3	不得检出	未检出	3	未检出	3
送风中可吸入颗粒物/ (mg·m ⁻³)	3	≤0.12	0.020~0.032	3	0.055~0.057	3
风管内表面细菌总数/ (CFU·m ⁻²)	6	≤100	未检出	6	未检出	6
风管内表面真菌总数/ (CFU·m ⁻²)	6	≤100	未检出	6	未检出	6
风管内表面积尘量/ (g·m ⁻²)	6	≤20	0.10~0.39	6	0.12~0.19	6
冷凝水嗜肺军团菌	1	不得检出	未检出	1	未检出	1
冷却水嗜肺军团菌	1	不得检出	未检出	1	未检出	1

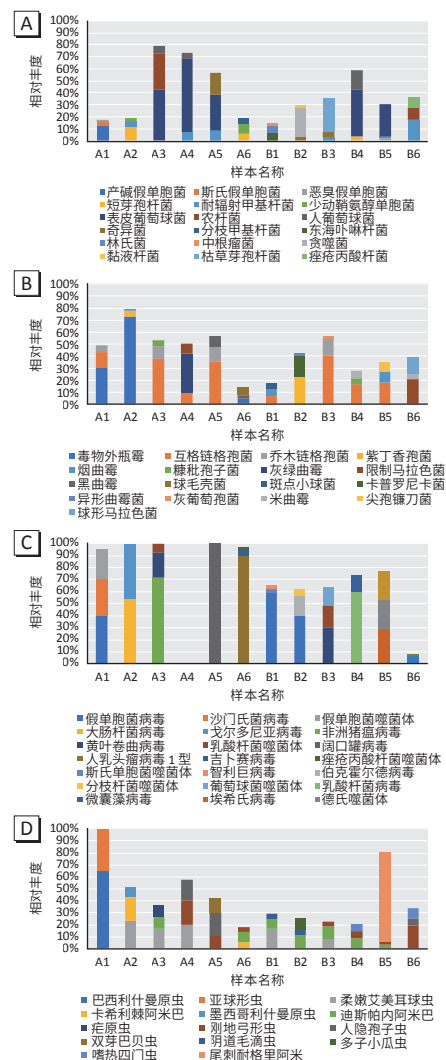
2.2 空调系统测序样品结果

2.2.1 微生物群落结构分析 本次研究共采集 2 家酒店集中空调通风系统环境样本 12 件, 鉴定出 17322 种微生物, 其中细菌占已分类基因的 97.31%, 其余 2.69%来自真菌、病毒和寄生虫。在种水平上, A、B 酒店集中空调通风系统样品中细菌、真菌、寄生虫的物种丰富度较高, 病毒的物种组成较单一。不同样品中优势微生物类群有所不同, 种水平上, 细菌群落中优势物种以表皮葡萄球菌、假单胞菌为主; 真菌群落中优势物种以链格孢菌、马拉色菌等为主。A、B 集通系统样本中优势微生物类群及其在各样品中的相对丰度详情见图 1。

2.2.2 α多样性分析 对水样、滤网、风管 3 组类型样品进行 α多样性分析, 结果见图 2。3 组样品的 Shannon、Simpson、Chao1、ACE 指数值均为风管 > 滤网 > 水样。本次测序结果中, 各组样品良好覆盖指数中最

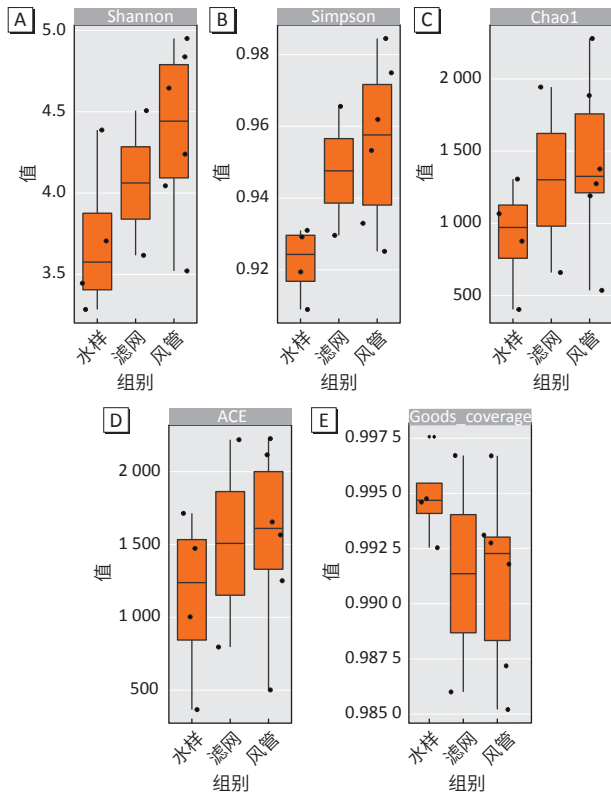
小值为 0.9850, 最大值为 0.9975, 各样品数值均接近于 1。

2.2.3 β多样性分析 采用 Jaccard^[18]方法, 利用 PCA 计算样本中的物种距离, 对原始复杂信息降维, 找出数据中最主要的元素或结构, 样品组成越相近, 反映在 PCA 图中的距离越近。如图 3 所示, 将所有样品分为水样、滤网、风管 3 个组分。图中每个点代表 1 个样本, 相同颜色为相同分组, 相似的样本则聚在一起, 可以看出, 滤网和风管内表面样品较好地聚为一类, 样品物种组成较接近, 而部分冷凝水和冷却水样品与其他类型样品反映在图中的距离较远, 说明两者物种组成差异较大, 反映出水样组内差异较大。前两个主成分贡献率分别是 19.27%、14.25%, 表示分别解释所有样品中微生物群落差异的比例, 累计贡献率达 33.52%。



[注] A: 细菌; B: 真菌; C: 病毒; D: 寄生虫。

图 1 A、B 酒店集通系统样品中优势群落相对丰度
Figure 1 Relative abundances of dominant communities in samples of HVAC of A and B hotels



[注] A: Shannon 指数; B: Simpson 指数; C: Chao1 指数; D: ACE 指数; E: 良好覆盖指数。

图 2 A、B 酒店集通系统不同样品类型 α 多样性指数

Figure 2 α -diversity indices of different sample types in HVAC of A and B hotels

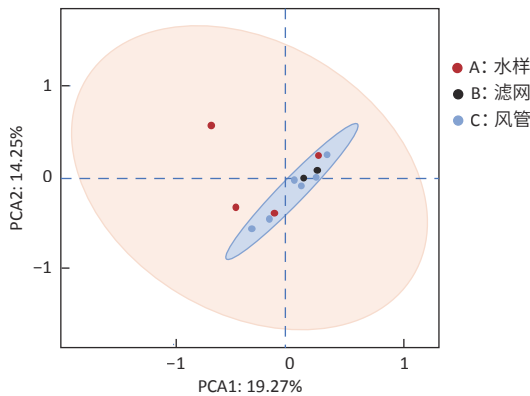


图 3 A、B 酒店集通系统微生物在种水平的 PCA

Figure 3 PCA analysis of microorganisms at the species level in HVAC of A and B hotels

3 讨论

本次调查中, 2 家酒店集通系统除微生物污染较严重外, 总体卫生状况良好。高通量测序结果表明集通系统微生物以细菌、真菌、寄生虫群落物种组成复杂多样, 相比之下, 病毒群落物种组成较为单一; 不同样本类型样品物种组成有差别, 水样中微生物以假单胞菌、芽孢杆菌、互隔链格孢菌、曲霉菌等为主, 其他类型样本则以表皮葡萄球菌、人葡萄球菌为代表的人

源性微生物为主, 提示人群流动对塑造集通系统设施设备表面微生物组具有重要意义。

本研究中, 依据《规范》要求, 酒店 A 空调系统送风中细菌总数指标检测样本不合格, 酒店 B 空调系统送风中细菌总数指标及真菌总数指标检测样本均不合格。与酒店 A 相比, 酒店 B 空调系统送风中样品微生物污染程度较高, 这与宏基因组测序结果具有一致性。

对 12 件集通系统测序样本进行研究, 共鉴定出 17322 种微生物, 其中细菌占已分类基因的 97.31%, 其余 2.69% 来自真菌、病毒和寄生虫。Sun 等^[11]通过宏基因组测序检测飞机等公共场所微生物群落结构, 结果发现细菌、真核生物、病毒和古细菌的相对丰度分别为 96.9%、1.8%、0.3% 和 0.03%, 这与本研究的检测结果高度一致, 提示集通系统微生物组与室内环境微生物组存在一定共性。与本研究结果相似, 在我国大连^[23]、香港^[24]及北京^[25]等地开展的相关研究发现空调系统中优势真菌群落主要为假丝酵母菌、链格孢菌、曲霉菌等。亚洲、欧洲、美洲等地空调系统或室内环境^[26-28]相关测序研究发现芽孢杆菌、曲霉菌、链格孢菌、假单胞菌、表皮葡萄球菌等为主要优势微生物, 这与本研究测序结果具有相似性的同时也存在部分差异。在机体免疫力较低情况下, 曲霉菌^[29]、假单胞菌^[30]等条件致病菌就可能感染机体或造成疾病, 提示空调系统中存在的病原微生物可对免疫低下人群或老人、儿童等健康安全构成极大威胁。除上述微生物以外, 本次研究还发现了耐辐射甲基杆菌、马拉色菌、人乳头瘤病毒、沙门氏菌病毒、非洲猪瘟病毒、巴西利士曼原虫、刚地弓形虫、人隐孢子虫等对人群健康具有重要生物学意义的病原微生物。其中来源于室外空气和人体皮肤的细菌种类主要有鞘氨醇单胞菌、藤黄微球菌、表皮葡萄球菌、人葡萄球菌、马拉色菌、痤疮丙酸杆菌, 提示室外环境和居住者本身可能作为微生物污染来源的重要意义。以上微生物的存在提示着空调系统潜在公共卫生风险不容忽视。 α 多样性分析表明, 水样、滤网、风管 3 组类型样本中, 风管组检测到的物种最为丰富, 滤网组样本次之, 水样组检测到的物种最为单一; 本研究 3 组样本良好覆盖指数均接近 1, 表明测序结果可以较好地代表空调系统样品中微生物的真实情况。PCA 分析结果表明滤网和风管表面样品物种组成较接近, 可以聚为一类; 而冷凝水和冷却水样品间物种组成变异较大, 提示环境中物种组成可能随样品所在的环境和介质类型而异, 这与 Sun 等^[11]进行的一项民航飞机室内微生物组的宏基因

组学研究相似,该研究发现物种丰度与其衍生生境和表面类型有关。本研究中,PCA 贡献率较低,由于样本类型已被证明是物种群落差异的一个重要解释因素,且 PCA 能够解释多变量原始数据中的大多数方差,因此需要在更广泛的背景下了解这些样本类型产生的群落差异的相对重要性。

本次调查分析聚焦于两家住宿场所集中空调的重要设施设备表面及空调水体样本的研究,利用宏基因组测序技术准确全面的掌握样品中所有微生物的分布特征,可以为后续国内其他重点公共场所开展相关研究提供分析思路和框架,本研究也是少数探索集中空调系统中全部微生物群落多样性的研究之一。研究对象数量少是本研究的一个不足之处,对于典型住宿场所抽样数量较少,增加典型重点场所的数量是未来需要进行的工作。本研究得出结论,集中空调系统内病原微生物复杂多样,在配有集中空调通风系统的建筑物中,免疫力低下的人群可能处于感染空气传播疾病的风险。考虑到人为因素对室内环境微生物组合的影响,建议进一步分析室内微生物组(包括细菌、真菌和病毒群落、寄生虫群落及其宏转录组和蛋白质组特征)与室内集中空调系统微生物组的相互影响和共生关系,为探索及建立重点场所集中空调系统生物安全监测预警体系提供基础研究数据,为制定相应管理政策提供科学依据。

参考文献

- [1] CRANDALL MS, SIEBER WK. The national institute for occupational safety and health indoor environmental evaluation experience. Part One: building environmental evaluations[J]. *Appl Occup Environ Hyg*, 1996, 11(6): 533-539.
- [2] LI A, CHEN X, GU C, et al. Prediction of particle deposition in rectangular ventilation ducts[J]. *Int J Vent*, 2012, 11(1): 69-78.
- [3] MOUCHTOURI VA, RUDGE JW. Legionnaires' disease in hotels and passenger ships: a systematic review of evidence, sources, and contributing factors[J]. *J Travel Med*, 2015, 22(5): 325-337.
- [4] 冯锦妹, 余淑苑, 周国宏, 等. 2014—2018年深圳市公共场所空调系统微生物污染调查[J]. *环境卫生学杂志*, 2019, 9(6): 589-592.
FENG JS, YU SY, ZHOU GH, et al. Investigation on microbial contamination of air conditioning system in public places in Shenzhen 2014-2018[J]. *J Environ Hyg*, 2019, 9(6): 589-592.
- [5] 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, 26(11): 336-340.
SUN PY, LIU XL, LIU JL, et al. Recent research progress on air microorganism[J]. *Chin Agric Bull*, 2010, 26(11): 336-340.
- [6] PECCIA J, HERNANDEZ M. Incorporating polymerase chain reaction-based identification, population characterization, and quantification of microorganisms into aerosol science: A review[J]. *Atmos Environ*, 2006, 40(21): 3941-3961.
- [7] SIBANDA T, SELVARAJAN R, OGOLA HJ, et al. Distribution and comparison of bacterial communities in HVAC systems of two university buildings: implications for indoor air quality and public health[J]. *Environ Monit Assess*, 2021, 193(1): 47.
- [8] MAESTRE JP, JENNINGS W, WYLIE D, et al. Filter forensics: microbiota recovery from residential HVAC filters[J]. *Microbiome*, 2018, 6(1): 22.
- [9] HOISINGTON A, MAESTRE JP, KINNEY KA, et al. Characterizing the bacterial communities in retail stores in the United States[J]. *Indoor Air*, 2016, 26(6): 857-868.
- [10] 公共场所集中空调通风系统卫生规范: WS 394—2012[S]. 北京: 中国标准出版社, 2013.
Hygienic specification of central air conditioning ventilation system in public buildings: WS 394 —2012[S]. Beijing: Standards Press of China, 2013.
- [11] SUN Y, FU X, LI Y, et al. Shotgun metagenomics of dust microbiome from flight deck and cabin in civil aviation aircraft[J]. *Indoor Air*, 2020, 30(6): 1199-1212.
- [12] LONG Y, ZHANG YX, GONG YP, et al. Diagnosis of sepsis with cell-free DNA by next-generation sequencing technology in ICU patients[J]. *Arch Med Res*, 2016, 47(5): 365-371.
- [13] 陈晓东, 朱志勇, 张韞, 等. 基于宏基因组技术分析传统酸笋中微生物多样性[J]. *食品与生物技术学报*, 2020, 39(8): 89-98.
CHEN XD, ZHU ZY, ZHANG Y, et al. Microbial community diversity analysis of traditional fermented bamboo shoots using metagenomic technology[J]. *J Food Sci Biotechnol*, 2020, 39(8): 89-98.
- [14] JEON YJ, ZHOU Y, LI Y, et al. The feasibility study of non-invasive fetal trisomy 18 and 21 detection with semiconductor sequencing platform[J]. *PLoS One*, 2017, 9(10): e110240.
- [15] TRUONG DT, FRANZOSA EA, TICKLE TL, et al. MetaPhlan2 for enhanced metagenomic taxonomic profiling[J]. *Nat Methods*, 2015, 12(10): 902-903.
- [16] HUBER W, CAREY VJ, GENTLEMAN R, et al. Orchestrating high-throughput genomic analysis with Bioconductor[J]. *Nat Methods*, 2015, 12(2): 115-121.
- [17] XIA F, CHEN X, GUO MY, et al. High-throughput sequencing-based analysis of endogenetic fungal communities inhabiting the Chinese Cordyceps reveals unexpectedly high fungal diversity[J]. *Sci Rep*, 2016, 9(6): 33437.
- [18] PAUL J. The Distribution of the Flora in the Alpine Zone[J]. *New Phytol*, 1912, 11(2): 37-50.
- [19] MCMURDIE PJ, HOLMES S. phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data[J]. *PLoS One*, 2013, 8(4): e61217.
- [20] LUO R, LIU B, XIE Y, et al. Erratum: SOAPdenovo2: an empirically improved memory-efficient short-read de novo assembler[J]. *GigaScience*, 2015, 4: 30.
- [21] ZHU WH, LOMSADZE A, BORODOVSKY M. *Ab initio* gene identification in metagenomic sequences[J]. *Nucleic Acids Res*, 2010, 38(12): e132.
- [22] FU L, NIU B, ZHU Z, et al. CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data[J]. *Bioinformatics*, 2012, 28(23): 3150-3152.
- [23] LV Y, HU G, WANG C, et al. Actual measurement, hygrothermal response experiment and growth prediction analysis of microbial contamination of central air conditioning system in Dalian, China[J]. *Sci Rep*, 2017, 7(1): 44190.
- [24] ZHOU Y, LAI Y, TONG X, et al. Airborne bacteria in outdoor air and air of mechanically ventilated buildings at city scale in Hong Kong across seasons[J]. *Environ Sci Technol*, 2020, 54(19): 11732-11743.

- [25] LIU Z, DENG Y, MA S, et al. Dust accumulated fungi in air-conditioning system: findings based on field and laboratory experiments[J]. *Build Simul*, 2021, 14(3): 793-811.
- [26] TSAO H F, SCHEIKL U, HERBOLD C, et al. The cooling tower water microbiota: seasonal dynamics and co-occurrence of bacterial and protist phylotypes[J]. *Water Res*, 2019, 159: 464-479.
- [27] XU B, HAO J. Air quality inside subway metro indoor environment worldwide: a review[J]. *Environ Int*, 2017, 107: 33-46.
- [28] KANG Y, NAGANO K. A study of the energy consumption and airborne microbe concentration in the Sapporo underground walkway, in a cold region of Japan[J]. *Sci Technol Built Environ*, 2016, 22(7): 1050-1059.
- [29] MARR KA, PATTERSON T, DENNING D. Aspergillosis: pathogenesis, clinical manifestations, and therapy[J]. *Infect Dis Clin North Am*, 2002, 16(4): 875-894.
- [30] LIN P, LI Y, DONG K, et al. The antibacterial effects of an antimicrobial peptide human β -Defensin 3 fused with carbohydrate-binding domain on *Pseudomonas aeruginosa* PA14[J]. *Curr Microbiol*, 2015, 71(2): 170-176.

(英文编辑: 汪源; 责任编辑: 顾心怡, 陈姣)

· 告知栏 ·

《环境与职业医学》审稿政策和同行评议过程

审稿政策

- ① 提交给《环境与职业医学》的稿件首先由科学编辑评估, 并根据以下标准确定是否适合同行评审: 主题是否在《环境与职业医学》涵盖范围内; 研究的原创性; 研究结果在该领域取得实质性突破的程度; 稿件文字重复率低于 10%;
- ② 符合《环境与职业医学》标准的论文将分配给 2~3 位专业同行审理;
- ③ 通过同行评审并修改的稿件将由常务编委会委员终审, 责任编辑根据终审意见决定稿件处理方式。经修改完善后的稿件进入待发稿编辑处理阶段, 排版后按序刊出。

同行评议过程

通过科学编辑评估的稿件将进入同行评议过程。由稿件责任编辑选择审稿人, 审稿人有可能从编委会委员中选出, 也可能来自相关领域专家, 或来自投稿者推荐。所有论文均以“单盲”方式经过严格的同行评审。根据审稿人对稿件的意见及编辑评估, 予以修改、复审或退稿。同行评议通过并经过修改后的稿件将由常务编委会终审, 责任编辑根据终审意见决定稿件处理方式(修后录用、退稿)。

《环境与职业医学》编辑部

2022 年 11 月 25 日