环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社

2020
Vol.41 No.5
第41卷 第5期

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第41卷 第5期
2020年5月15日

目 次

环 境 科 学
Environmental Science
第41卷第5期 2020年5月
Vol.41, No.5 May, 2020

西安市秋冬季市区与山区微生物气溶胶组成特征及来源

谢雯文[1], 路瑞[1], 慕飞飞[1], 戚玉珍[1], 白文艳[1], 李彦鹏[1,2*]
(1. 长安大学环境科学与工程学院, 西安 710054; 2. 长安大学旱区水文与生态效应教育部重点实验室, 西安 710054)

摘要: 为探究城市市区与山区微生物气溶胶组成特征及来源,在西安市市区(城区和郊区)及南郊山区设立3个采样点,采集细颗粒物、土壤及叶片样本. 通过高通量测序法,解析不同采样点真菌与细菌群落结构,考察其时空变化特征;使用Source Track源解析技术对空气中微生物进行来源分析. 结果表明,不同采样点真菌、细菌菌属差异较大,说明地理位置对空气中微生物的群落结构影响显著;冬季市区检测出较多的潜在真菌致病菌和细菌致病菌,且具有较高的相对丰度和多样性. 通过源解析技术发现,在局部源叶片和土壤中,叶片表面微生物是空气中微生物的主要潜在源,且秋季叶片对空气中微生物的贡献率高于冬季. 本研究不仅为空气中生物气溶胶的溯源研究提供了一定基础,也为深入了解大气中微生物污染特性和为我国空气环境质量评价与疾病预防提供一定的科学依据.

关键词: 真菌; 细菌; 群落结构; 来源分析; 生物气溶胶
中图分类号: X513 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2020)05-2044-06 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.201911010

Characteristics and Sources of Microbial Aerosols in Urban and Mountainous Areas in Autumn and Winter in Xi'an, China

XIE Wen-wen[1], LU Rui[1], MU Fei-fei[1], QI Yu-zhen[1], BAI Wen-yan[1], LI Yan-peng[1,2*]
(1. School of Environmental Science and Engineering, Chang'an University, Xi'an 710054, China; 2. Key Laboratory of Subsurface Hydrology and Ecology in Arid Areas, Ministry of Education, Chang'an University, Xi'an 710054, China)

Abstract: To explore the bioaerosol composition characteristics and sources in urban areas and mountains, three sample sites were selected in urban (urban, suburban) and southern mountainous areas in Xi'an, and air, soil, and leaf samples were simultaneously collected. The fungi and bacteria community structures at different sampling sites were analyzed through a high-throughput sequencing method, and their spatio-temporal variations were also examined. Moreover, a source track technique was used to identify the source of microorganisms in the air. The results showed that the fungi and bacteria at different sampling sites were significantly different, indicating that the geographical location has a significant influence on the community structure of microorganisms in the air. In winter, more potential fungal pathogens and bacterial pathogens were detected in urban areas with high relative abundance and diversity. In addition, the results showed that the main local source of fungi and bacteria was the leaf surface, of which the contribution rate of bacteria in the air fine particles was up to (55 ± 30)%. This study can provide a scientific basis for understanding the characteristics of microbial pollution in the atmosphere, and for air environment quality evaluation and disease prevention in China.

Key words: fungi; bacteria; community structure; Source Track; bioaerosol

生物气溶胶是大气气溶胶的重要组成部分之一,通常是指空气动力学直径小于100μm且携带微生物或来源于生物性物质的气溶胶,主要包括细菌、真菌、病毒、花粉和动植物碎片等[1],空气中的微生物主要是附着在空气颗粒物上. 大气细颗粒物($PM_{2.5}$)作为主要的空气污染物,具有粒径小、比表面积大等特点[2],微生物易富集在其表面,对环境质量产生严重影响. 生物气溶胶中含有大量病原体[3,4],这些病原体会通过人体的皮肤、呼吸道和消化道侵入,致使过敏性疾病、呼吸道感染和慢性肺病等疾病发病率升高,对人类健康存在严重的威胁[5].

由于生物气溶胶受人类活动和工农业生产等社会因素影响,使得微生物浓度和群落结构存在明显的空间差异[6~9]. Kim等[10]和夏晓敏等[11]的研究表明,繁华的交通干线、商业中心微生物浓度明显较高且微生物群落较为丰富; Bowers等[12,13]的研究指出,城市和乡村的微生物群落结构存在较大差异,不同采样点之间大气颗粒物中细菌群落组成和相对丰度有所不同. 综合前人研究可知,不同地点的微生物群落特征有所不同.

自然界中的微生物,通常是由动植物、土壤和天然水体等载体释放. Bowers等[12]通过监测空气样本和土壤微生物样本,得出近地层空气中的细菌部分来源于土壤的结论. 除此之外, Fan等[14]的研究表明,空气中的潜在致病菌群落结构组成变化可以通过土壤和叶片等局部潜在源的改变解释. 因此,以土

收稿日期: 2019-11-02; **修订日期**: 2019-12-05
基金项目: 国家自然科学基金项目(51478045); 陕西省土地整理重点实验室基金项目(2018-ZD04); 广东省环境催化与健康风险控制重点实验室基金项目(GKECHRC-07)
作者简介: 谢雯文(1996~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为生物气溶胶及其环境效应, E-mail: 1498422327@qq.com
* 通信作者, E-mail: liyanp01@chd.edu.cn

壤和叶片为潜在源，研究其对空气中微生物的贡献率，有利于判断微生物来源和实施空气质量控制.

本文主要以秋冬季西安市不同区域生物气溶胶为研究对象，在郊区、城区和山区这 3 个不同的采样点进行 $PM_{2.5}$ 空气颗粒物样本和微生物潜在来源（叶片和土壤）采集，通过高通量测序和 Source Track 源分析方法，对比 3 个不同采样点微生物群落结构多样性，分析潜在来源对微生物的贡献率，以期为了解西安市空气微生物分布提供基本信息，并为区域疾病预防和空气质量改善等方面提供科学依据.

1　材料与方法

1.1　样品采集

本研究共设置 3 个采样点，分别位于西安市郊区、城区和南郊山区. 郊区采样点位于长安大学渭水校区原位实验场（渭水，34.37°N，108.91°E），城区采样点位于长安大学雁塔校区某实验楼顶（雁塔，34.22°N，109.18°E，距地面高度 27 m），两个采样点远离主干道，周围主要是居民住宅和学校，人流量较大，绿化程度高，主要树木种类有广玉兰、香樟树和梧桐树等，可归为市区采样点；山区采样点位于南郊山区秦岭支脉-翠华山脚下（秦岭，34.02°N，109.01°E），该采样点远离主干道，山脉植被茂密，落叶植物居多，主要树木种类有白蜡树、银杏树、桦树等，且人流量小. 3 个采样点周围均无潜在工业污染源. 采样时间为 2018 年 10 月 23 ~ 29 日、2019 年 1 月 13 ~ 18 日，共计 12 d.

本次采样使用 ZR-3930 型大气颗粒物采样器（青岛众瑞）进行，同时将 3 个采样点的 $PM_{2.5}$ 样本采集到直径为 47 mm 的无菌聚碳酸酯膜上（英国 Whatman）. 采集的 $PM_{2.5}$ 样品采用高通量测序法测定空气中真菌与细菌群落结构. 同时，对采样点周围，半径约 15 m 区域内的叶片和土壤进行采集，采集的叶片距地高度约 1.5 ~ 2.0 m，采集 5 ~ 6 棵不同树木，每棵树木 5 片叶片；采集土壤为无植物生长的地表土，选取 8 个采样点采集后混合. 采样前，所有采样容器在 121℃ 高压蒸汽灭菌锅（上海 LDZX-40BI）中灭菌 20 min. 采样前后均需对过滤器进行消毒. 本次采样获得 $PM_{2.5}$ 空气、叶片和土壤样本各 36 份.

1.2　DNA 提取、PCR 扩增和 Illumina 测序

大气颗粒采样器的采样流量为 16.7 $L \cdot min^{-1}$，每次采样时间为 1 h，得到滤膜空气样品. 将得到的样品放入无菌样品管中，带回实验室，在 −80℃ 冰箱内低温保存. 将同一采样点采集的叶片样本放入 1 000 mL锥形瓶中，加入 100 mL 缓冲溶液洗脱表面微生物，得到洗脱液. 将混合好的土壤和叶片表面微生物样品保存，提纯备用测序分析. 在超净台将滤膜样本用无菌刀分为两份，分别用于真菌、细菌检测. 每两天的样品编为一组进行 DNA 提取，进行微生物种属鉴定. 使用 OMEGA Soil DNA Kit 试剂盒分别提取每组样本中的 DNA. 采用 Nano Drop ND-2000（Nano Drop Technologies，Wilmington，DE）分光光度计测定基因组 DNA 浓度和纯度，提取 DNA 作为 PCR 扩增模板. 将扩增后的产物进行纯化，符合测样要求后，送往测序公司进行高通量测序分析.

1.3　数据分析

使用 SPSS 25.0 进行 t 检验. 当 P 值小于 0.05 时，表示在 95% 的置信区间内具有统计学上的显著差异. 使用 R（64 3.5.3）对数据进行统计分析和可视化，Source Track 源分析技术进行微生物溯源解析[15,16]. 利用 Origin 8.5 统计画图.

2　结果与讨论

2.1　西安市城区与山区细颗粒物中微生物群落多样性变化

表 1 为不同采样点 $PM_{2.5}$ 中真菌和细菌的群落多样性. 从总体上看，秋季各采样点的真菌群落的丰富度和多样性显著高于冬季. 从 Chao1 和 ACE 指数来看，秋季市区采样点的群落丰富度显著高于郊区采样点（$P < 0.05$）；冬季山区采样点的真菌群落丰富度略高于市区两个采样点（$P < 0.05$）. 同时，看出秋冬两季 Shannon 指数稳定在 5 ~ 7 之间，Simpson 指数均大于 0.9，说明 3 个采样点的真菌种类较多，且离散程度大. 其中，市区采样点的 Shannon 指数和 Simpson 指数显著高于山区，说明相比于山区，市区的真菌群落丰富度较高，且离散性大. OTUs 数显示，秋冬两季，门水平、属水平的真菌种类均是市区高于山区.

分析细菌群落多样性可以看出，总体上秋季各采样点的细菌群落的丰富度和多样性低于冬季各采样点. 从 Chao1 和 ACE 指数来看，秋季郊区采样点最高，冬季城区采样点最高，说明秋冬两季市区采样点的细菌丰富度高于山区. 冬季的 Shannon 指数达到 7 ~ 8.5，Simpson 指数达到 0.97 ~ 0.99，表示冬季细菌种类多且离散度大. 统计门水平和属水平下 OTUs 数，数据显示秋季郊区采样点最高，冬季市区采样点最高. 与真菌相同，秋季郊区采样点的丰富度和多样性最大，冬季城区采样点的丰度和多样性最大，说明秋冬两季市区的细菌群落丰富度和多样性高于山区.

表 1 西安市区与山区 $PM_{2.5}$ 中真菌和细菌群落多样性

Table 1 Diversity of fungal and bacterial communities in $PM_{2.5}$ in urban and mountainous areas of Xi'an

季节	采样点	丰度				OTUs(门)	
		Chao1 指数		ACE 指数			
		真菌	细菌	真菌	细菌	真菌	细菌
秋季	郊区	325.06 ±87.52	756.15 ±40.14	325.15 ±83.79	761.23 ±37.43	262.00 ±65.09	717.00 ±28.83
	城区	248.00 ±37.70	729.59 ±36.81	248.60 ±37.42	737.82 ±38.19	200.00 ±48.28	689.00 ±43.59
	山区	270.61 ±37.30	736.72 ±416.98	272.07 ±38.67	747.73 ±408.07	224.33 ±37.23	691.00 ±416.04
冬季	郊区	152.33 ±28.23	1 160.66 ±200.31	152.33 ±18.23	1 228.56 ±198.42	136.00 ±7.55	1 024.33 ±242.33
	城区	220.87 ±134.33	1 462.26 ±191.37	221.10 ±133.59	1 519.41 ±188.36	181.33 ±105.77	1 368.33 ±193.45
	山区	231.58 ±72.47	1 280.17 ±242.10	263.39 ±119.40	1 308.90 ±249.63	192.67 ±55.41	1 207.00 ±209.59

季节	采样点	多样性				OTUs(属)	
		Shannon 指数		Simpson 指数			
		真菌	细菌	真菌	细菌	真菌	细菌
秋季	郊区	6.24 ±0.74	6.68 ±0.09	0.96 ±0.03	0.95 ±0.01	179.33 ±47.25	573.33 ±27.68
	城区	6.48 ±0.21	6.01 ±0.64	0.97 ±0.01	0.92 ±0.03	125.33 ±36.23	550.33 ±47.06
	山区	6.51 ±0.21	5.48 ±2.45	0.97 ±0.01	0.83 ±0.19	156.33 ±28.11	450.67 ±154.72
冬季	郊区	5.13 ±0.79	7.36 ±0.71	0.93 ±0.04	0.98 ±0.01	103.33 ±9.29	673.00 ±118.87
	城区	5.87 ±0.71	8.25 ±0.50	0.96 ±0.02	0.99 ±0.01	121.67 ±70.06	823.67 ±80.88
	山区	5.37 ±0.31	7.77 ±0.44	0.96 ±0.00	0.98 ±0.01	119.00 ±35.54	787.33 ±122.58

2.2 西安市市区与山区颗粒物中微生物群落结构变化

2.2.1 颗粒物中真菌群落结构变化

图 1 为门水平下 3 个不同采样点微生物中真菌的群落结构组成. 从中可知门水平下, 3 个采样点真菌群落结构相似度较高,但相对丰度存在差异,主要由子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)构成,这与前人的研究高度相似[14,17~19]. 其中,子囊菌门(Ascomycota)相对丰度显著高于其他菌群($P < 0.05$),Du 等[18]在对北京市微生物群落结构的季节变化研究中,同样观察到北京市细颗粒物中子囊菌门(Ascomycota)为主要菌门的现象.

为深入研究不同采样点真菌群落结构的变化,本研究选取不同采样点相对丰度较大共有优势真菌做物种分布的热图,结果如图 2 所示. 从中可以看出,不同季节、不同采样点真菌的共有菌种相对丰度差异较大. 郊区采样点秋季的优势菌种为酵母菌属(*Bullera*),冬季的优势菌种为枝孢霉菌属(*Cladosporium*)、曲霉属(*Aspergillus*);城区采样点秋季栓菌属(*Trametes*)相对丰度较高,冬季集珠霉属(*Syncephalis*)相对丰度较高;而山区采样点的优势菌种秋季是烟管霉属(*Bjerkandera*),冬季是嗜热子囊菌属(*Thermoascus*). 其中,曲霉属(*Aspergillus*)产生的毒素会导致过敏[20],枝孢霉菌属(*Cladosporium*)会引发肺部感染和哮喘[21]. 这些结果说明,冬季市区采样点潜在致病真菌相对丰度较大. 与前人的研究对比可以发现[14,18],在北京市和西安市的冬季细颗粒物中,均检测出较高的曲霉属

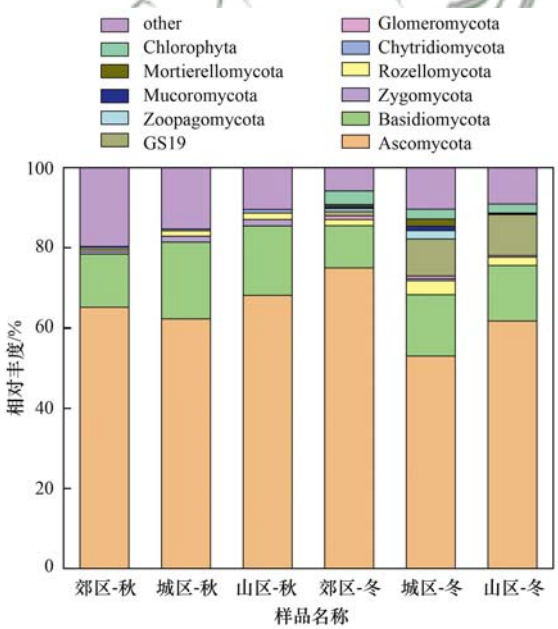

图 1 不同采样点真菌门水平分布

Fig. 1 Horizontal distribution of phylum fungi at different sampling sites

(*Aspergillus*)、枝孢霉菌属(*Cladosporium*),对人体健康存在潜在威胁. 此外,还可以发现不同采样点的真菌优势菌种有所不同,这与 Cao 等[22]的研究结果相同,说明地理位置明显影响空气中真菌的群落结构.

2.2.2 颗粒物中细菌群落结构变化

图 3 为门水平下不同采样点微生物中细菌的群落结构组成. 从中可知门水平下,不同采样点的细菌群落结构同样相似度较高,相对丰度差异较大,主要由变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)构成. 郊区采样点与城区采样点、山区采样点的相对丰度相差

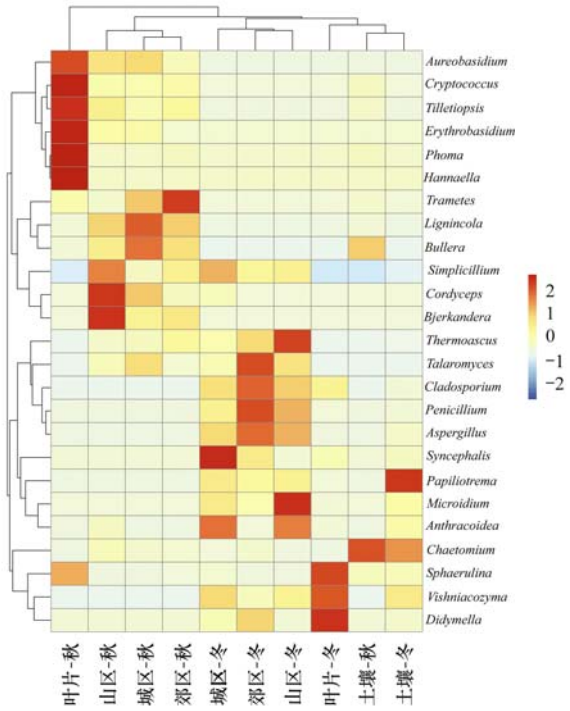

图 2　不同采样点前 25 种真菌菌属热图

Fig. 2　Heatmap of the first 25 species of fungi at different sampling sites

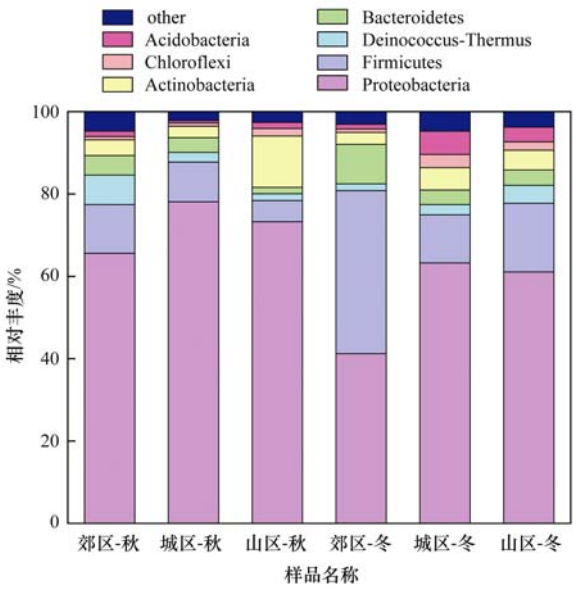

图 3　不同采样点细菌门水平分布

Fig. 3　Horizontal distribution of bacterial phyla at different sampling sites

较大，变形菌门（Proteobacteria）相对丰度最低（$P < 0.05$），厚壁菌门（Firmicutes）相对丰度最高（$P < 0.05$）. 根据前人研究可知[23,24]，青岛的优势菌门为变形菌门（Proteobacteria，78.8%），济南的优势菌门为厚壁菌门（Firmicutes，74.1%），北京的优势菌门为放线菌门（Actinobacteria，62.3%），进一步证实不同区域门水平上细菌群落具有较高的相似性，但相对丰度不同.

图 4 为不同采样点优势细菌菌属的分布热图. 从分析结果可以看出，不同季节、不同采样点之间的优势菌属的差异较大. 秋季，郊区采样点主要有异常球菌属（*Deinococcus*），城区采样点主要有布丘氏菌属（*Buttiauxella*），山区采样点主要有水栖菌属（*Enhydrobacter*）. 冬季，郊区采样点的优势菌种变为乳杆菌属（*Lactobacillus*），城区采样点变为不动杆菌属（*Acinetobacter*），山区采样点是栖热菌属（*Thermus*），芽孢杆菌属（*Geobacillus*）. 其中，还在市区采样点检测到较高的假单胞菌属（*Pseudomonas*）、不动杆菌属（*Acinetobacter*）、马赛菌属（*Massilia*）等潜在致病菌，其易引发呼吸道感染、哮喘等疾病，会对人体健康产生不良影响[17,25]. 市区人流量大，居民区垃圾产生量较大，温度适宜均会导致细菌致病菌相对丰度增加. 类似于 Bowers 等[13]的研究结果，不同采样点细菌结构的组成和相对丰度均有所差异. 这进一步表明地理位置会影响空气中微生物群落结构.

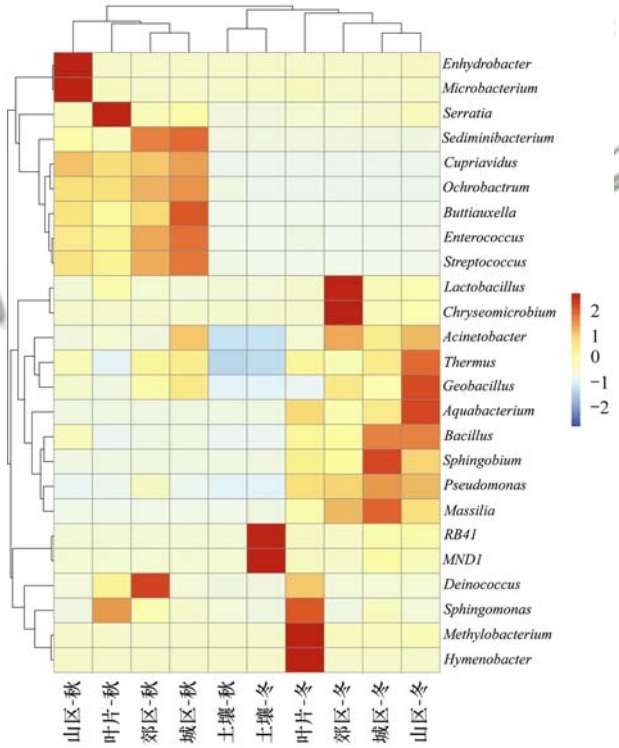

图 4　不同采样点前 25 种细菌菌属热图

Fig. 4　Heatmap of the top 25 species of bacteria at different sampling sites

2.3　不同采样点微生物潜在来源分析

2.3.1　不同采样点真菌潜在来源分析

源解析可以揭示不同采样点空气中微生物的变化情况. 本研究分析了采样点附近叶片表面和土壤中的微生物组成，以确定空中微生物的潜在来源. 图 5 为通过 Source Track 源分析得到的不同采样点真菌局部来源贡献率. 不同采样点叶片对空气中的真

菌的贡献率远高于土壤贡献率($P<0.05$),说明相对于土壤,空气中的真菌更多来自于叶片.山区采样点叶片对空气中的真菌贡献度更高,这是由于空气中的真菌孢子大部分都由植物直接扩散,借助风力在大气中扩散,而山区植物种类多,覆盖率大,有利于真菌孢子释放[26,27].冬季叶片的贡献率低于秋季($P<0.05$),这可能由于冬季植物叶片减少和积雪覆盖.

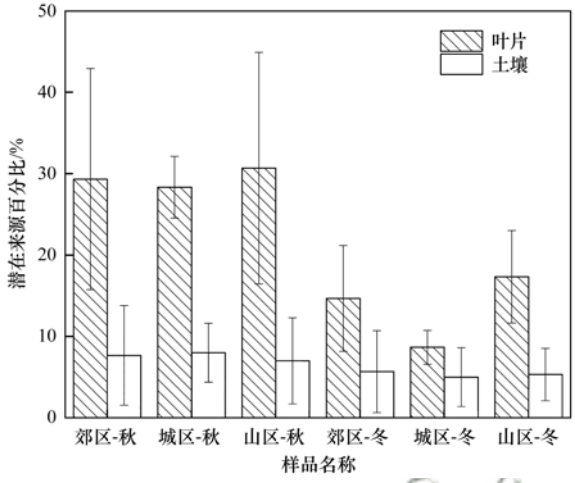

图5 不同采样点真菌潜在来源贡献度

Fig. 5 Contribution of potential fungal sources at different sampling sites

2.3.2 不同采样细菌潜在来源分析

空气中细菌群落与土壤、植被、水体和动物等各种当地来源有关[28,29],局部来源的细菌会影响当地空气中的细菌群落结构[30,31].本研究探究了空气样本和局部来源(叶片和土壤)的相关性.图6为不同采样点细菌潜在来源贡献度.根据Source Track源分析结果可知,叶片对空气中的细菌贡献率大于50%,说明叶片表面的细菌是空气样本中细菌的主要来源,这与大气颗粒物的沉降有关.在所有地点,叶片的细菌对空气中细菌群落的贡献在秋季略有增加.前人的研究表明,叶片表面是秋季条件致病菌的主要来源[13].值得注意的是,本研究未考虑树木种类对空气微生物贡献率的影响,这将在未来进一步研究.

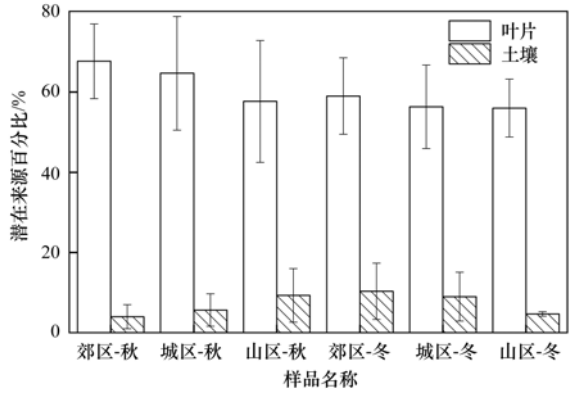

图6 不同采样点细菌潜在来源贡献度

Fig. 6 Contribution of potential bacterial sources at different sampling sites

3 结论

(1) 采样期间,市区空气中细菌的群落多样性与丰富度高于山区.

(2) 3个采样点相对丰度前25个共有真菌、细菌菌属差异较大,说明地理位置影响空气中微生物的群落结构.

(3) 本研究在市区样品中检测出较高的潜在致病菌,说明在人群密集的区域存在更多的潜在致病菌属.

(4) 来源分析显示,在局部源叶片和土壤中,叶片表面微生物是空气中微生物的主要潜在源,且秋季叶片对空气中微生物的贡献率高于冬季.

参考文献:

[1] 祁建华, 高会旺. 生物气溶胶研究进展: 环境与气候效应[J]. 生态环境, 2006, **15**(4): 854-861.
Qi J H. Environment and climate effect of bioaerosol: a review[J]. Ecology and Environment, 2006, **15**(4): 854-861.

[2] Pope III C A, Burnett R T, Thun M J, *et al*. Lung cancer, cardiopulmonary mortality, and long-term exposure to fine particulate air pollution[J]. JAMA, 2002, **287**(9): 1132-1141.

[3] 甄泉, 方治国, 王雅晴, 等. 雾霾空气中细菌特征及对健康的潜在影响[J]. 生态学报, 2019, **39**(6): 2244-2254.
Zhen Q, Fang Z G, Wang Y Q, *et al*. Bacterial characteristics in atmospheric haze and potential impacts on human health[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, **39**(6): 2244-2254.

[4] 马嘉伟, 杨凯雄, 柴风光, 等. 生活垃圾填埋场细菌气溶胶粒径分布及种群特征[J]. 环境科学, 2019, **40**(8): 3470-3476.
Ma J W, Yang K X, Chai F G, *et al*. Particle size distribution and population characteristics of airborne bacteria emitted from a sanitary landfill site[J]. Environmental Science, 2019, **40**(8): 3470-3476.

[5] Trout D B, Seltzer J M, Page E H, *et al*. Clinical use of immunoassays in assessing exposure to fungi and potential health effects related to fungal exposure[J]. Annals of Allergy, Asthma & Immunology, 2004, **92**(5): 483-492.

[6] Dong L J, Qi J H, Shao C C, *et al*. Concentration and size distribution of total airborne microbes in hazy and foggy weather[J]. Science of the Total Environment, 2015, **541**: 1011-1018.

[7] 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.

[8] Li Y P, Lu R, Li W X, *et al*. 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.

[9] 孙强, 李杰, 赵炜, 等. 兰州某居民区大气微生物气溶胶分布特征研究[J]. 环境监测管理与技术, 2019, **31**(4): 13-17.
Sun Q, Li J, Zhao W, *et al*. Study on distribution characteristics of atmospheric microbial aerosol in a residential area of Lanzhou

[J]. The Administration and Technique of Environmental Monitoring, 2019, **31**(4): 13-17.

[10] Kim K Y, Kim C N. Airborne microbiological characteristics in public buildings of Korea[J]. Building and Environment, 2007, **42**(5): 2188-2196.

[11] 夏晓敏, 汪建君, 陈立奇, 等. 厦门市区 10 月份大气气溶胶中细菌群落结构的初步研究[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2010, **49**(5): 682-687.
Xia X M, Wang J J, Chen L Q, *et al*. Preliminary study of airborne bacteria community structure of aerosols of Xiamen in October[J]. Journal of Xiamen University (Natural Science), 2010, **49**(5): 682-687.

[12] 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.

[13] Bowers R M, McLetchie S, Knight R, *et al*. Spatial variability in airborne bacterial communities across land-use types and their relationship to the bacterial communities of potential source environments[J]. The ISME Journal, 2011, **5**(4): 601-612.

[14] Fan C L, Li Y P, Liu P X, *et al*. Characteristics of airborne opportunistic pathogenic bacteria during autumn and winter in Xi'an, China[J]. Science of the Total Environment, 2019, **672**: 834-845.

[15] Knights D, Kuczynski J, Charlson E S, *et al*. Bayesian community-wide culture-independent microbial source tracking [J]. Nature Methods, 2011, **8**(9): 761-763.

[16] Metcalf J L, Xu Z Z, Weiss S, *et al*. Microbial community assembly and metabolic function during mammalian corpse decomposition[J]. Science, 2016, **351**(6269): 158-162.

[17] 苟欢歌, 谢纯斌, 童延斌, 等. 石河子市春季大气颗粒物 TSP 和 PM_{10} 中微生物群落特征[J]. 环境工程学报, 2017, **11**(4): 2343-2349.
Gou H G, Xie C B, Tong Y B, *et al*. Assessment of microbial communities in TSP and PM_{10} of Shihezi during spring[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2017, **11**(4): 2343-2349.

[18] Du P R, Du R, Ren W S, *et al*. Variations of bacteria and fungi in $PM_{2.5}$, in Beijing, China[J]. Atmospheric Environment, 2018, **172**: 55-64.

[19] Xu C H, Wei M, Chen J M, *et al*. Fungi diversity in $PM_{2.5}$ and PM_1 at the summit of Mt. Tai: abundance, size distribution, and seasonal variation [J]. Atmospheric Chemistry and Physics, 2017, **17**(18): 11247-11260.

[20] Nime F A, Hutchins G M. Oxalosis caused by *Aspergilus* infection[J]. The Johns Hopkins Medical Journal, 1973, **133**(4): 183-194.

[21] Sandoval-Denis M, Gené J, Sutton D A, *et al*. New species of *Cladosporium* associated with human and animal infections[J]. Persoonia-Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi, 2016, **36**(1): 281-298.

[22] 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.

[23] 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 Z W, 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.

[24] 王步英, 郎继东, 张丽娜, 等. 基于 16S rRNA 基因测序法分析北京霾污染过程中 $PM_{2.5}$ 和 PM_{10} 细菌群落特征[J]. 环境科学, 2015, **36**(8): 2727-2734.
Wang B Y, Lang J D, Zhang L N, *et al*. Characterizing Beijing's airborne bacterial communities in $PM_{2.5}$ and PM_{10} samples during haze pollution episodes using 16S rRNA gene analysis method [J]. Environmental Science, 2015, **36**(8): 2727-2734.

[25] 杨淑霞, 范晓华, 钟晓莉, 等. 不动杆菌属的研究进展[J]. 中国医学创新, 2010, **7**(28): 192-194.

[26] Collins D P, Jacobsen B J. Optimizing a *Bacillus* subtilis isolate for biological control of sugar beet cercospora leaf spot[J]. Biological Control, 2003, **26**(2): 153-161.

[27] Bovallius A, Bucht B, Roffey R, *et al*. Three-year investigation of the natural airborne bacterial flora at four localities in Sweden [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1978, **35**(5): 847-852.

[28] Bowers R M, Sullivan A P, Costello E K, *et al*. Sources of bacteria in outdoor air across cities in the Midwestern United States[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, **77**(18): 6350-6356.

[29] Brodie E L, DeSantis T Z, Parker J P M, *et al*. Urban aerosols harbor diverse and dynamic bacterial populations [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2007, **104**(1): 299-304.

[30] Lu R, Fan C L, Liu P X, *et al*. Exposure characteristics of airborne bacteria during a haze pollution event at Qinling Mountain, China[J]. Human and Ecological Risk Assessment: An International Journal, 2019, **25**(1-2): 438-454.

[31] Iguchi A, Nagaya Y, Pradel E, *et al*. Genome evolution and plasticity of *Serratia marcescens*, an important multidrug-resistant nosocomial pathogen[J]. Genome Biology and Evolution, 2014, **6**(8): 2096-2110.

HUANJING K0EXUE Vol. 41 No. 5
Environmental Science (monthly) May 15, 2020

CONTENTS