

DOI: 10.5846/stxb201803200542

楼秀芹, 郭卫俊, 姚文冲, 方治国. 杭州市西湖景区春季空气细菌多样性特征研究. 生态学报, 2019, 39(8): - .

Lou X Q, Guo W J, Yao W C, Fang Z G. Diversity of airborne bacterial community in spring in the West Lake scenic areas of Hangzhou, China. Acta Ecologica Sinica, 2019, 39(8): - .

杭州市西湖景区春季空气细菌多样性特征研究

楼秀芹¹, 郭卫俊², 姚文冲², 方治国^{2,*}

¹ 杭州市疾病预防控制中心微生物检验科, 杭州 310021

² 浙江工商大学环境科学与工程学院, 杭州 310018

摘要:选取了杭州市西湖景区 4 个典型样点, 利用高通量测序方法研究了其空气细菌多样性特征。结果表明, 在细菌门水平上, 各样点优势细菌为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidetes), 其总相对含量在断桥残雪(MSBB)、柳浪闻莺(OSW)、宝石流霞(PSHFRC)和三潭印月(TPMM)分别为 88.31%、86.03%、85.06% 和 89.28%, 且不同样点优势菌群存在一定的差异, OSW 和 TPMM 厚壁菌门分别占 9.65% 和 11.6%, 拟杆菌门分别占 6.86% 和 5.55%, MSBB 和 PSHFRC 拟杆菌门分别占 7.31% 和 7.86%, 厚壁菌门分别占 7.09% 和 5.32%。在细菌属水平上, 各样点优势菌属及含量差异显著, MSBB、TPMM、OSW 和 PSHFRC 相对含量最高的菌属分别为马赛菌属(*Massilia*)、两面神菌属(*Janibacter*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)和甲基杆菌属(*Methylobacterium*), 分别占 6.22%、6.45%、6.05% 和 11.5%, 各样点相对含量高于 2% 的细菌属有鞘氨醇单胞菌属、甲基杆菌属、薄层菌属(*Hymenobacter*)和异常球菌属(*Deinococcus*), 这些菌属是西湖景区各样点共有的优势菌群; 通过空气细菌 OTU 及多样性分析可知, MSBB 空气细菌丰富度较高, 均匀度较低, 而 PSHFRC 丰富度较低, 均匀度较高。杭州西湖景区不同样点空气细菌群落特征差异显著, 且其丰富度和均匀度明显不同。

关键词:生物气溶胶; 西湖景区; 变形菌门; 细菌丰富度; 多样性指数

Diversity of airborne bacterial community in spring in the West Lake scenic areas of Hangzhou, China

LOU Xiuqin¹, GUO Weijun², YAO Wenchong², FANG Zhiguo^{2,*}

¹ Microbiology Laboratory, Hangzhou Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310021, China

² School of Environmental Science and Engineering, Zhejiang Gongshang University, Hangzhou 310021, China

Abstract: The community composition of airborne bacteria was examined using high throughput sequencing at four selected sampling sites during spring in the West Lake scenic areas of Hangzhou, Zhejiang Province, China. The results showed that the dominant bacterial phyla were Proteobacteria, Actinobacteria, Firmicutes, and Bacteroidetes at different sampling sites, and the relative content of these four phyla at the sampling sites of melting snow at broken bridge (MSBB), orioles singing in the willow (OSW), precious stone hill floating in rosy clouds (PSHFRC), and three pools mirroring the moon (TPMM) was 88.31%, 86.03%, 85.06% and 89.28%, respectively. Furthermore, a difference in the dominant bacterial phylum was detected at different sampling sites, and Firmicutes accounted for 9.65% and 11.6%, and Bacteroidetes 6.86% and 5.55% at OSW and TPMM, respectively. At the MSBB and PSHFRC sampling sites, Bacteroidetes accounted for 7.31% and 7.86%, and Firmicutes 7.09% and 5.32%, respectively. Significant differences in the airborne bacterial composition at the genus level were determined at the four selected sampling sites, and the most dominant bacterial genera were *Massilia*

基金项目:浙江省自然科学基金项目(LY17D050006); 国家自然科学基金项目(81402682); 中国科学院生态环境研究中心城市与区域生态国家重点实验室开放基金项目(SKLURE2015-2-1)

收稿日期:2018-03-20; **网络出版日期:**2018-00-00

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zhgfang77@zjgsu.edu.cn

(6.22%), *Janibacter* (6.45%), *Sphingomonas* (6.05%), and *Methylobacterium* (11.5%) at the sampling sites of MSBB, TPMM, OSW, and PSHFRC, respectively. *Sphingomonas*, *Methylobacterium*, *Hymenobacter*, and *Deinococcus* were the common airborne bacteria at different sampling sites, that accounted for more than 2% of genera identified. Moreover, a high species richness and low homogeneity of airborne bacteria was detected at the MSBB sampling site, while a low species richness and high homogeneity was found at the PSHFRC sampling site. In general, significant differences in bacterial composition in the atmosphere were found at different sampling sites in the West Lake scenic areas of Hangzhou, and their richness and homogeneity were also significantly different.

Key Words: bioaerosols; West Lake scenic areas; proteobacteria; bacterial richness; diversity index

生物气溶胶是指具有生命的气溶胶粒子(包括细菌、真菌、病毒等微生物粒子)和活性粒子(花粉、孢子等)以及由有生命活性的机体所释放到空气中各种粒子的统称^[1-2]。空气中的微生物是大气生物气溶胶的主要组成部分,其不仅具有重要的生态系统功能,影响着全球气候变化^[3-6],还与空气质量和人类健康密切相关。一方面,由生物粒子组成的气溶胶,可间接作为云凝结核和冰核,导致云滴和冰晶的形成,在雨雪的形成过程中发挥着非常重要的功能,并且可通过直接散射或吸收太阳能辐射在全球气候变化中起着至关重要的作用^[5-9];另一方面,作为空气污染表征体系的一部分,生物气溶胶对评价空气污染的致病性和过敏性具有重要的作用,小部分具有活性的生物气溶胶能够导致各种微生物疾病发生^[10]。

空气细菌是空气中微生物的重要组成部分,所有细菌气溶胶都是通过自然界进入空气中的。空气中细菌的存在和分布是以人类为中心的^[11],因此空气细菌主要来源于自然界的土壤、动植物和人类,所有的水体界面包括湖泊、海洋、河流等也是空气细菌的来源之一,另外一些非自然的的活动如污水处理、动物饲养、发酵过程和农业活动等也是其重要来源^[12-15]。空气中细菌的存在与人类健康有着密切的联系,它们能够向周围的环境扩散,导致人类过敏反应,对免疫力低下的人们造成严重的健康危害^[16];容易造成人群传染病爆发流行;污染食品,造成人们食物中毒;使医药品、化妆品等日常用品变质;并且能够腐蚀用于基础建设的金属材料及用于科研生产的精密仪器,造成重大的经济损失^[17-19]。

杭州是浙江省省会和经济、文化科教中心,长江三角洲中心城市之一,国家历史文化名城和南方典型的风景旅游城市,而且杭州市被确定为2016年G20峰会的主办城市,这更有助于显著提升杭州市的国际地位和形象。西湖景区是杭州的地标性旅游景区,世界文化遗产,国家5A级旅游景区,中国首批国家重点风景名胜,首批全国文明风景旅游区示范点,中国十大名胜古迹之一,中国主要的观赏性淡水湖泊之一,在中国的历史文化和风景名胜中占有重要地位。“杭州西湖文化景观”于2011年正式被列入《世界遗产名录》,成为世界文化景观的杰出典范。作为世界闻名的旅游胜地,杭州西湖景区每年的游客接待量持续位居全国前列,来杭旅游人数不断增加,2015年中外游客的接待量已经突破1.2亿人次。2016年十一黄金周期间杭州共接待游客1578万人次,其中西湖风景区接待游客就超过了437万人次,显著超出了杭州的旅游负载量。随着杭州在国内外的知名度明显提高,城市的人流量和车流量显著增加,因此杭州西湖景区空气生物性污染问题也日益突出。然而,有关杭州市西湖景区空气微生物的研究工作至今鲜有任何报道。论文选取了杭州市西湖景区4个典型景点作为样点,通过高通量测序研究了空气细菌多样性特征,可为控制西湖景区空气生物性污染和相关管理部门制定环境政策法规提供理论指导和参考依据。

1 研究材料与方法

1.1 研究样点概况

杭州西湖景区位于浙江省杭州市西面,景区内群山高度都不超过400米,环布在西湖的南、西、北三面,景区总面积达49 km²,其中湖面6.5 km²。景区以植物造景为主,由大量乔灌木组成疏落有致、大小不同的空间。2007年5月8日经国家旅游局正式批准为国家AAAAA级旅游景区,2011年6月24日“中国杭州西湖文化景

观”正式被列入《世界遗产名录》。选取西湖景区具有代表性且具有不同特征的 4 个景点作为研究样点,分别为柳浪闻莺(Orioles singing in the willow-OSW)、三潭印月(Three pools mirroring the moon-TPMM)、断桥残雪(Melting snow at broken bridge-MSBB)和宝石流霞(Precious stone hill floating in rosy clouds-PSHFRC)。柳浪闻莺(OSW)位于西湖东南岸,园内垂柳林立,遍及紫楠、雪松、广玉兰和梅花等。断桥残雪(MSBB)位于西湖白堤东端,是西湖景区人流量最大的景点之一。三潭印月(TPMM)是西湖中最大的岛屿,风景秀丽、景色清幽,绿树掩映、花木扶疏,湖岸垂柳拂波。宝石流霞(PSHFRC)位于西湖北岸自成一体的葛岭和宝石山,保俶塔巍然挺秀,景色奇特。

1.2 空气微生物取样器

采用法国 Bertin * Coriolis μ 空气生物采样器进行取样,Coriolis μ 采用全新的气旋式采样技术,空气流速最高可达 300 L/min。Coriolis μ 能够高效收集空气中的生物样品,样品的采集形式为液体样品,样品后续处理高度灵活,样品可进行稀释和浓缩,以获得更大范围更精确的生物样品信息,用于包括琼脂平板培养在内的多种检测技术。

1.3 取样方法

在杭州市西湖景区选定 4 个样点(OSW、MSBB、TPMM、PSHFRC),于 2016 年 5 月选择相同的天气条件(晴),利用 Coriolis μ 空气微生物液体采样器进行取样,取样时空气温度为 25℃,风向为东风,风速 ≤ 3 级。利用 Coriolis μ 空气微生物液体采样器进行取样,每个样点 3 个重复。取样高度距离地面约 1.5 m 处,空气流速 250 L/min,取样时间为 2 h。取样时收集管初始取样液为 12 mL,为了保证收集管里液体量的稳定,每隔 10 min 往收集管里加少许收集液,取样结束后将样本带回实验室,然后进行 DNA 提取,收集的样本用于空气中细菌多样性特征研究。

1.4 液体样品的浓缩与 DNA 提取方法

利用 Coriolis μ 空气微生物液体采样器收集的样本通过高速离心和浓缩过滤管过滤后收集约 100 μ L 的原液混合物,然后转移至 1.5 mL 离心管中,将浓缩后的样本利用 QIAamp DNA Mini Kit(50)试剂盒提取空气细菌基因组 DNA,将检测合格的细菌基因组 DNA 样本送至上海祥音生物科技有限公司进行高通量测序。

1.5 空气细菌高通量测序

以样品 DNA 作为 PCR 反应模板,扩增 16S rRNA 基因的 V3—V4 区。PCR 反应正反向引物分别为 5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3'和 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3',扩增后得到 425 bp 的扩增片段,检测合格后,添加测序接头,选用 Miseq PE300 平台实施双末端测序。

1.6 数据处理

1.6.1 质量控制

HiSeq 双端测序原始序列 3'端可能带有 adaptor 接头序列,以及一些少量低质量序列和杂质序列。利用 cutadapt 软件(Version 1.16)去除 3'端测序接头,利用 Pandaseq 软件(Version 2.9)根据双端测序序列的重叠关系将成对的 reads 拼接成一条序列,得到高变区的原始序列(raw read)。对拼接后的序列进行质控分析(去除尾部质量值低于 20 以下碱基和含 N 碱基部分序列的 reads)获得有效序列(clean reads)。

1.6.2 OTUs 与多样性分析

将拼接的有效序列中的 singletons 过滤掉,利用 Uparse(Version 7.0.1001)去除嵌合体,并在 97%的相似度下对序列进行聚类,得到用于物种分类的 OTUs。在保证测序深度足够的前提下,对每个样本进行归一化处理。然后,对抽平后的序列聚类的 OTUs 进行微生物分析和主成分(PCA)分析。

1.6.3 群落结构组成和相似性分析

从 OTUs 中挑选出丰富度最高的一条序列作为代表序列,与 16S rDNA 数据库(Greengenes)在 97%的相似性下进行比对,从而对 OTUs 进行物种注释,并根据每个 OUT 中序列的条数得到 OUT 分布表,对物种丰度和热图进行分析。利用 QIIME 软件(Version 1.9.0)计算 Alpha 多样性和 Beta 多样性指数。

2 研究结果

2.1 空气细菌 OUT 及 α 多样性分析

采集的空气细菌样品,经 DNA 提取、检测和高通量测序后,将所得原始数据进行拼接、质控和去除嵌合体,共得到 252325 条序列。通过分析总共获得 OTU 数量为 17795,其中 OSW 的 OTU 数量为 3771,TPMM 为 4261,MSBB 为 5075,PSHFRC 为 4688。从 OTU 研究结果中可知,西湖景区不同样点空气细菌群落丰富度差异显著,OSW 空气中细菌丰度最小,而 MSBB 空气中细菌丰度较大。

表 1 是不同样点 α 多样性指数,MSBB 的香农指数、ACE 指数、Chao1 指数、Coverage 指数、Simpson 指数分别为 6.07、20673、13072、0.95、0.0123,而 PSHFRC 的上述指数分别为 5.43、21790、12401、0.95、0.0371。与其它样点相比,MSBB 空气中细菌丰富度较高,均匀度较低,而 PSHFRC 空气中细菌丰富度较低,均匀度较高。

表 1 杭州市西湖景区不同样点空气细菌样品 Alpha 多样性指数

Table 1 Alpha diversity index of bacterial samples at different sampling sites in West Lake scenic areas

样本分组 Sample groups	Shannon 指数 Shannon index	ACE 指数 ACE index	Chao1 指数 Chao1 index	Coverage 指数 Coverage index	Simpson 指数 Simpson index
MSBB	6.07	20673	13072	0.953	0.0123
OSW	5.50	26488	13322	0.963	0.0168
PSHFRC	5.43	21790	12401	0.955	0.0371
TPMM	5.72	16597	11367	0.962	0.0176

MSBB:断桥残雪, melting snow at broken bridge; OSW:柳浪闻莺, orioles singing in the willow; PSHFRC:宝石流霞, precious stone hill floating in rosy clouds; TPMM:三潭印月, three pools mirroring the moon

2.2 空气细菌群落结构组成分析

各样点细菌相对含量最多的均为变形菌门(Proteobacteria),分别是 MSBB 占 54.54%,OSW 占 53.49%,PSHFRC 占 60.15%,TPMM 占 56.97%,其在 4 个样点中的平均相对含量为 56.29%;其次为放线菌门(Actinobacteria),分别是 MSBB 占 19.37%、OSW 占 16.03%、TPMM 占 15.23%、PSHFRC 占 11.73%,其在 4 个样点中的平均相对含量为 15.59%。细菌门分类水平上,OSW 和 TPMM 相对含量第三的是厚壁菌门(Firmicutes),分别占 9.65%和 11.6%,第四的是拟杆菌门(Bacteroidetes),分别占 6.86%和 5.55%;MSBB 和 PSHFRC 与之相反,相对含量第三的是拟杆菌门,分别占 7.31%和 7.86%,第四是厚壁菌门,分别占 7.09%和 5.32%。从以上的研究结果可以得出,西湖景区各样点空气细菌在门水平上相对含量较多的为变形菌门、放线菌门、厚壁菌门和拟杆菌门,这 4 门细菌总的相对含量在各样点分布特征为 MSBB 占 88.31%,OSW 占 86.03%,PSHFRC 占 85.06%,TPMM 占 89.28%(图 1)。

杭州市西湖景区各样点空气中共有细菌 954 属,其中 MSBB 的优势菌群依次为马赛菌属(*Massilia*) (6.22%)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*) (3.61%)、甲基杆菌属(*Methylobacterium*) (3.53%)、副球菌属(*Paracoccus*) (3.16%)、刘志恒菌属(*Zhihengliuella*) (2.6%)、薄层菌属(*Hymenobacter*) (2.22%)、异常球菌属(*Deinococcus*) (2.21%);TPMM 的优势菌群依次为两面神菌属(*Janibacter*) (6.45%)、甲基杆菌属(5.44%)、马赛菌属(4.99%)、芽孢杆菌属(*Bacillus*) (3.36%)、鞘氨醇单胞菌属(2.9%)、异常球菌属(2.51%)、微红微球菌属(*Rubellimicrobium*) (2.19%);OSW 相对含量较多的菌群为鞘氨醇单胞菌属(6.05%)、两面神菌属(3.91%)、异常球菌属(3.29%)、马赛菌属(3.15%)、食酸菌属(*Acidovorax*) (3.01%)、副球菌属(2.98%)、甲基杆菌属(2.54%);PSHFRC 的优势菌群则依次为甲基杆菌属(11.5%)、鞘氨醇单胞菌属(11.21%)、异常球菌属(4.74%)、薄层菌属(3.72%)、微红微球菌(2.83%)、食酸菌属(2.06%)。从以上研究结果可以得出,MSBB 样点马赛菌属相对含量显著高于其它菌属,而 PSHFRC 样点马赛菌属相对含量为 0.93%;OSW 样点鞘氨醇单胞菌属显著高于其它菌属,而 TPMM 样点鞘氨醇单胞菌属相对含量为 2.9%;PSHFRC 样点则甲基杆菌属和鞘氨醇单胞菌属显著高于其它菌属,而 OSW 样点甲基杆菌属相对含量为 2.54%;TPMM 样点两面神菌属显著高于

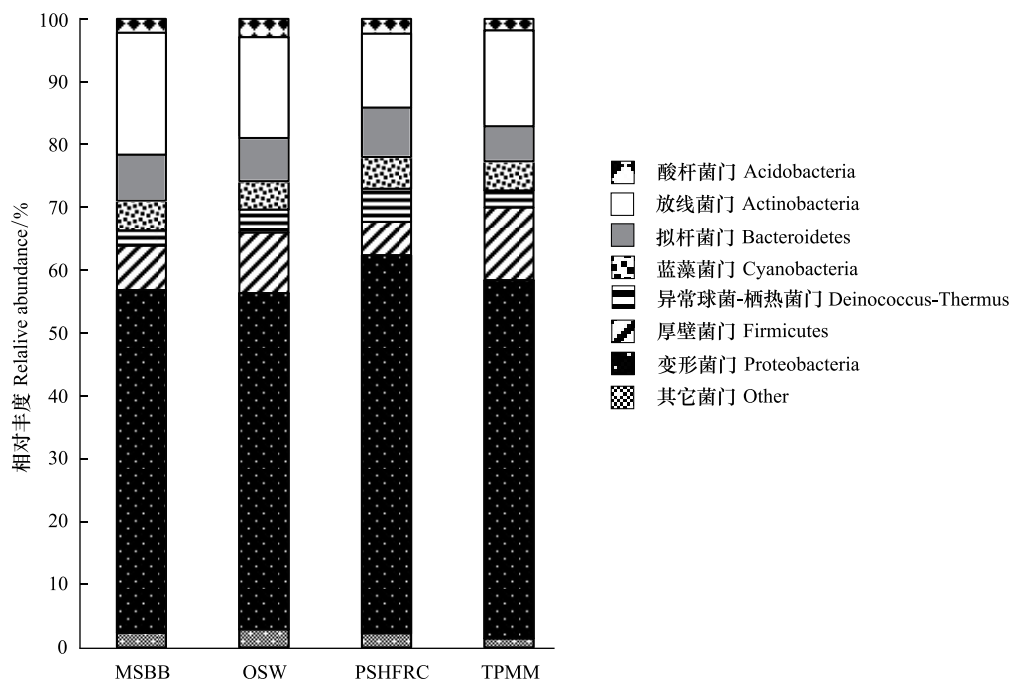


图1 门分类水平西湖景区不同样点空气细菌的相对丰度

Fig.1 Relative abundance of airborne bacteria in the level of phylum classification at different sampling sites in West Lake scenic areas

MSBB 断桥残雪; melting snow at broken bridge; OSW:柳浪闻莺, orioles singing in the willow; PSHFRC: 宝石流霞, precious stone hill floating in rosy clouds; TPMM: 三潭印月, three pools mirroring the moon

其它菌属,而 PSHFRC 样点两面神菌属相对含量为 0(图 2)。因此,西湖景区各样点不同细菌在属水平上相对含量差异非常显著。此外,各样点相对含量在 2% 以上的细菌属主要有鞘氨醇单胞菌属、甲基杆菌属、薄层菌属和异常球菌属,这些菌属是西湖景区不同样点共有的优势菌群。

2.3 不同样点空气细菌群落结构相似性分析

从属分类水平挑选丰富度最高的前 40 个物种作物种丰富热图,从图中可以看出,西湖景区各个样点空气细菌群落差异显著(图 3),从不同样点空气细菌样品主成分分析来看,能够得到一致的结果。西湖景区空气中优势细菌属为鞘氨醇单胞菌属、甲基杆菌属、马赛菌属、异常球菌属、薄层菌属和两面神菌属。两面神菌属相对丰度在各样点 OSW(3.91%)、TPMM(6.45%)与 MSBB(0.03%)、PSHFRC(0%)差异非常显著;芽孢杆菌属相对丰度在各样点 TPMM(3.36%)与 MSBB(0%)、OSW(0.31%)、PSHFRC(0.22%)差异显著;马赛菌属相对丰度在样点 TPMM(4.99%)、MSBB(6.22%)、OSW(3.15%)与 PSHFRC(0.93%)差异显著(图 4)。

3 讨论

在杭州市西湖景区选取了 4 个典型样点,系统研究了西湖景区空气细菌群落特征。在细菌门水平上,各样点优势细菌门均为变形菌门、放线菌门、厚壁菌门和拟杆菌门,其总相对含量在 MSBB、OSW、PSHFRC 和 TPMM 分别为 88.31%、86.03%、85.06% 和 89.28%,不同样点空气细菌门水平上存在一定的差异,OSW 和 TPMM 厚壁菌门分别占 9.65% 和 11.6%,拟杆菌门分别占 6.86% 和 5.55%,MSBB 和 PSHFRC 拟杆菌门分别占 7.31% 和 7.86%,厚壁菌门分别占 7.09% 和 5.32%。在细菌属水平上,各样点优势细菌属及含量差异显著,MSBB、TPMM、OSW 和 PSHFRC 含量最大的优势菌属分别为马赛菌属、两面神菌属、鞘氨醇单胞菌属和甲基杆菌属,分别占 6.22%、6.45%、6.05% 和 11.5%,各样点相对含量均高于 2% 的菌属有鞘氨醇单胞菌属、甲基杆菌属、薄层菌属和异常球菌属,这些菌属是西湖景区共有的优势菌群。姚文冲等研究了杭州市不同功能区空气细菌群落特征,空气中以变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、蓝细菌门(Cyanobacteria)和放线菌门为优势菌群,但

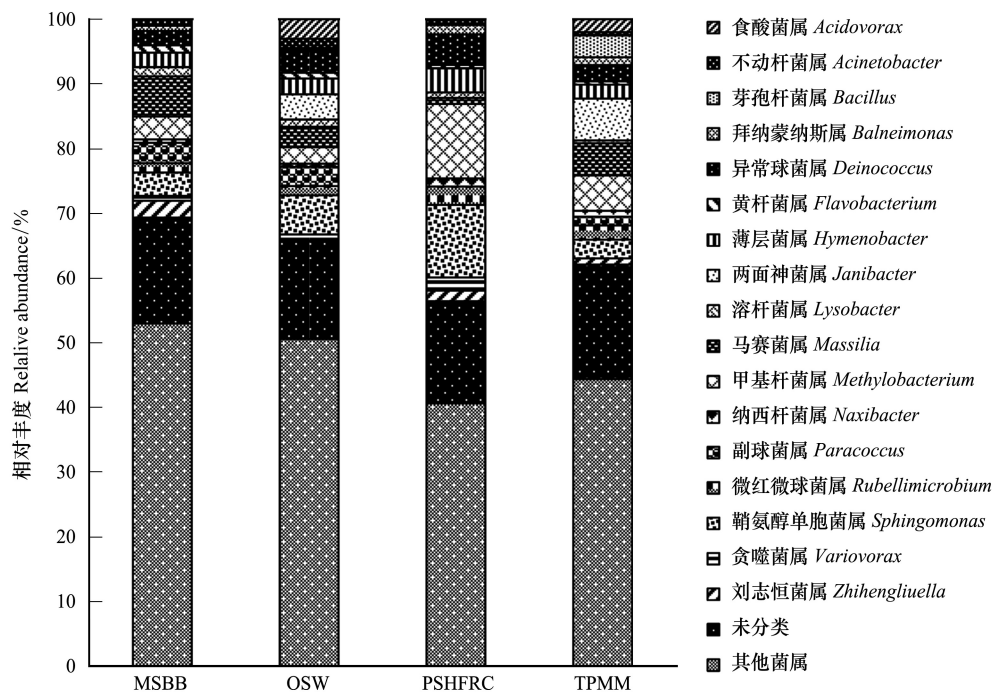


图2 属分类水平西湖景区不同样点空气细菌的相对丰度

Fig.2 Relative abundance of airborne bacteria in the level of genus classification at different sampling sites in West Lake scenic areas

不同功能区及不同季节其丰度存在显著差异,且优势细菌属与西湖景区显著不同^[20];张旭等研究了浙江大学紫金港校农业生命环境大楼空气细菌群落组成,空气中颗粒物样品上以变形菌门(24.63%—54.22%)、蓝细菌门(6.10%—20.27%)、厚壁菌门(9.91%—29.76%)、放线菌门(9.27%—18.87%)和拟杆菌门(7.52%—24.29%)为主,累计丰度约达90%。西湖景区和上述研究的样点均在杭州,但由于样点周边环境显著不同,空气中优势细菌门存在一定的差异,在西湖景区蓝细菌门丰度较低,而在浙江大学紫金港校区蓝细菌门丰度较高,而西湖景区优势菌属与杭州不同功能区差异显著^[21]。王丹丹等研究了塔克拉玛干沙尘暴源区空气细菌群落多样性,发现其空气中细菌主要有4门37属,优势菌群为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门,分别占67.6%、17.6%、11.7%和2.9%,优势菌属为微杆菌属(*Microbacterium*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、短波单胞菌属(*Brevundimonas*)、柄杆菌属(*Caulobacter*)、叶杆菌属(*Phyllobacterium*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、海洋杆菌属(*Pontibacter*)和根瘤菌属(*Rhizobium*)。在门的水平上,西湖景区空气细菌特征与塔克拉玛干沙尘暴源区基本相似;在属水平上,两地空气细菌群落差异显著,其优势菌群明显不同,这可能是由于两地显著不同的环境特征而引起的^[22]。凌琪等利用可培养法研究了黄山风景区空气细菌特征,经鉴定得出优势菌属依次为芽孢杆菌属、葡萄球菌属(*Staphylococcus*)、微球菌属(*Micrococcus*)和假单胞菌属,分别占总细菌的37.7%、17.2%、10.1%、9.8%^[23],这与本研究中空气细菌群落结构差异显著。一方面,由于环境中绝大多数细菌是不可培养的,而可培养的细菌只占总数的0.1%—10%,在营养贫瘠的空气中比例可能更低^[24],这就导致了利用培养法和非培养法研究空气中细菌群落的显著差异^[25];另一方面,黄山风景区和西湖景区两地的环境特征不同,黄山风景区海拔较高,西湖景区具有较大的水域面积,虽然两地的植被覆盖率较高,但植被类型显著不同,这些也是导致西湖景区和黄山风景区空气中细菌种类不同的原因。

从OTU和多样性指数分析来看,与其它样点相比,MSBB空气中细菌丰富度较高,均匀度较低,而PSHFRC空气中细菌丰富度较低,均匀度较高。研究表明,人员流动、车辆活动和绿化植被是影响空气中细菌特征的最重要因素,空气中细菌种类和含量与地面扰动有着显著的关系^[17-19,26]。MSBB是西湖景区游客流量最大的景点之一,一方面,人员频繁活动容易使得地面的尘埃粒子漂浮在空气中形成飘尘,使得周边环境中细菌的丰度都显著增加;另一方面,人流量较多的地方,皮肤表面所携带的细菌可能会释放到空气中,且人们也

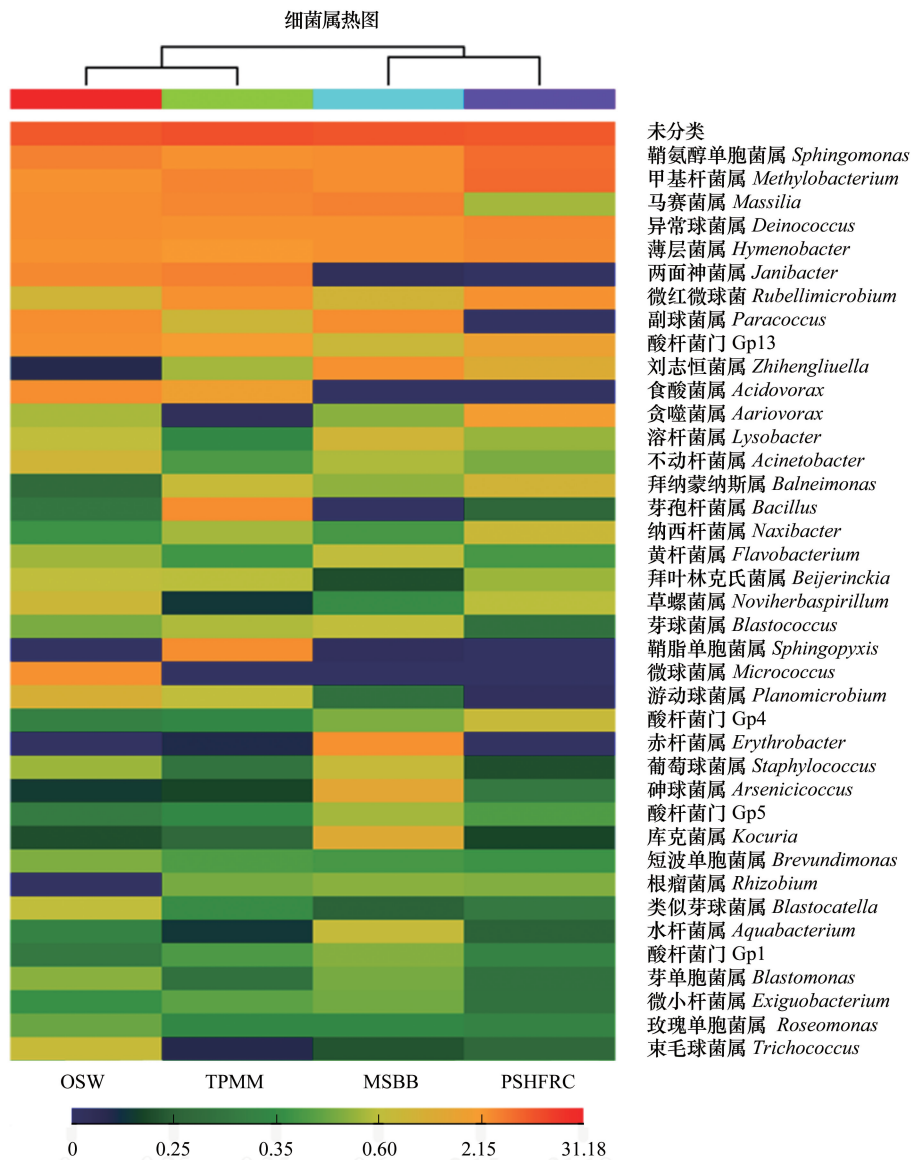


图 3 属水平西湖景区不同样点空气细菌样品物种丰度热图

Fig.3 Species abundance heatmap of airborne bacteria in the level of genus at different sampling sites in West Lake scenic area

可通过喷嚏等形式把大量的细菌释放到空气中,使得周边环境中原生性细菌的种类和含量明显增加。这些因素也是引起 MSBB 空气中细菌均匀度较低的重要原因。OSW 是西湖景区植被覆盖及绿化最好的景点之一,空气湿润,较为阴凉,绿地对空气细菌有明显的滤除作用,总体环境不利于空气中细菌的生长和繁殖^[27],并且不同种类植物的挥发性分泌物对空气细菌有显著的灭杀作用^[28-30],使得 OSW 空气中病原性细菌种类较少。PSHFRC 是位于西湖北岸的葛岭和宝石山上,海拔明显高于其它样点,且游客数量显著低于其它景点,这就导致了其空气细菌丰富度较低和均匀度较高。

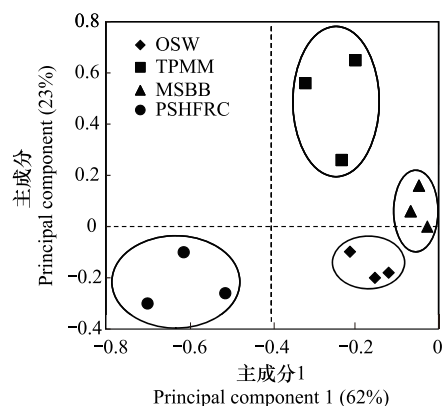


图 4 西湖景区不同样点空气细菌样品主成分分析

Fig.4 PCA analysis of airborne bacteria at different sampling sites in West Lake scenic area

4 结论

杭州市西湖景区不同景点空气细菌多样性特征差异显著,各景点丰富度和均匀度明显不同,MSBB 空气细菌丰富度较高,均匀度较低,而 PSHFRC 丰富度较低,均匀度较高。在细菌门水平上,各景点优势细菌为变形菌门、放线菌门、厚壁菌门和拟杆菌门,但不同景点空气细菌群落及含量存在一定的差异;在细菌属水平上,MSBB、TPMM、OSW 和 PSHFRC 相对含量最高的菌属分别为马赛菌属、两面神菌属、鞘氨醇单胞菌属和甲基杆菌属,各景点优势菌属及含量差异显著。我国旅游景区空气微生物的研究总体上比较薄弱,因此有必要加强与人类活动密切相关的旅游景区空气微生物群落结构及多样性特征研究。

参考文献 (References):

- [1] Burge H A. Bioaerosols. Boca Raton: Lewis Publishers, 1995: 7-7.
- [2] 杜睿. 大气生物气溶胶的研究进展. 气候与环境研究, 2006, 11(4): 546-552.
- [3] Christner B C, Morris C E, Foreman C M, Cai R, Sands D C. Ubiquity of biological ice nucleators in snowfall. Science, 2008, 319(5867): 1214.
- [4] Christner B C, Cai R, Morris C E, McCarter K S, Foreman C M, Skidmore M L, Montross S N, Sands D C. Geographic, seasonal, and precipitation chemistry influence on the abundance and activity of biological ice nucleators in rain and snow. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2008, 105(48): 18854-18859.
- [5] Murray B J, O'Sullivan D, Atkinson J D, Webb M E. Ice nucleation by particles immersed in supercooled cloud droplets. Chemical Society Reviews, 2012, 41(19): 6519-6554.
- [6] O'Sullivan D, Murray B J, Ross J F, Whale T F, Price H C, Atkinson J D, Umo N S, Webb M E. The relevance of nanoscale biological fragments for ice nucleation in clouds. Scientific Reports, 2015, 5: 8082.
- [7] 杜睿, 王亚玲, 梁宗敏. 细菌气溶胶在大气冰核化过程中作用的研究进展. 中国环境科学, 2013, 33(1): 30-42.
- [8] 王亚玲, 杜睿, 梁宗敏, 周宇光. 冰核细菌 *Pseudomonas syringae* 是否可以影响大气的冰核化过程. 科学通报, 2012, 57(25): 2413-2418.
- [9] 王亚玲, 杜睿, 梁宗敏, 李梓铭. 大气主要污染物与细菌气溶胶在冰核化过程中的作用: 对液滴冻结温度的影响. 中国科学: 地球科学, 2012, 42(5): 692-700.
- [10] Kalogerakis N, Paschali D, Lekaditis V, Pantidou A, Eleftheriadis K, Lazaridis M. Indoor air quality—bioaerosol measurements in domestic and office premises. Journal of Aerosol Science, 2005, 36(5/6): 751-761.
- [11] Lighthart B. The ecology of bacteria in the al fresco atmosphere. FEMS Microbiology Ecology, 1997, 23(4): 263-274.
- [12] Bovallius A, Bucht B, Roffey R, Anäs P. Three-year investigation of the natural airborne bacterial flora at four localities in Sweden. Applied and Environmental Microbiology, 1978, 35(5): 847-852.
- [13] Lindemann J, Constantinidou H A, Barchet W R, Upper C D. Plants as sources of airborne bacteria, including ice nucleation-active bacteria. Applied and Environmental Microbiology, 1982, 44(5): 1059-1063.
- [14] Mancinelli R L, Shulls W A. Airborne bacteria in an urban environment. Applied and Environmental Microbiology, 1978, 35(6): 1095-1101.
- [15] Martinez K F, Sheehy J W, Jones J H, Cusick L B. Microbial containment in conventional fermentation processes. Applied Industrial Hygiene, 1988, 3(6): 177-181.
- [16] Douwes J, Thorne P, Pearce N, Heederik D. Bioaerosol health effects and exposure assessment: progress and prospects. Annals of Occupational Hygiene, 2003, 47(3): 187-200.
- [17] Fang Z G, Ouyang Z Y, Zheng H, Wang X K, Hu L F. Culturable airborne bacteria in outdoor environments in Beijing, China. Microbial Ecology, 2007, 54(3): 487-496.
- [18] Fang Z G, Gong C J, Ouyang Z Y, Liu P, Sun L, Wang X Y. Characteristic and concentration distribution of culturable airborne bacteria in residential environments in Beijing, China. Aerosol and Air Quality Research, 2014, 14(3): 943-953.
- [19] Fang Z G, Yao W C, Lou X Q, Hao C M, Gong C J, Ouyang Z Y. Profile and characteristics of culturable airborne bacteria in Hangzhou, Southeast of China. Aerosol and Air Quality Research, 2016, 16(7): 1690-1700.
- [20] 姚文冲. 基于高通量测序的南方典型旅游城市空气细菌群落特征研究. 杭州: 浙江工商大学, 2017: 33-40.
- [21] 张旭. 空气微生物群落结构组成及影响因素研究. 杭州: 浙江大学, 2016: 13-17.
- [22] 王丹丹, 林青, 欧提库尔·玛合木提, 杨红梅, 娄恺. 塔克拉玛干沙尘暴源区空气细菌群落多样性. 微生物学报, 2018, 58(8): 1420-1430.

- [23] 凌琪, 王晏平. 黄山风景区夏季空气微生物分布特征初步研究. 微生物学通报, 2008, 35(9): 1379-1384.
- [24] Amann R I, Ludwig W, Schleifer K-H. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. Microbiological Reviews, 1995, 59(1): 143-169.
- [25] 方治国, 郝翠梅, 姚文冲, 欧阳志云. 空气微生物群落解析方法: 从培养到非培养. 生态学报, 2016, 36(14): 4244-4253.
- [26] 方治国, 欧阳志云, 赵景柱, 王效科, 郑华. 北京城市空气细菌群落结构与动态变化特征. 微生物学报, 2006, 46(4): 618-623.
- [27] 胡卫萱, 丁峰, 宋文华, 刘宪华. 绿地绿化配置模式对空气中细菌含量的影响. 环境与健康杂志, 2009, 26(6): 546-546.
- [28] 谢慧玲, 李树人, 袁秀云, 刘国伟, 高雪梅, 曹瑜, 贾静. 植物挥发性分泌物对空气微生物杀灭作用的研究. 河南农业大学学报, 1999, 33(2): 127-133.
- [29] 张薇. 几种园林植物挥发性物质成分分析及抑菌活性研究[D]. 长沙: 湖南大学, 2007: 35-49.
- [30] 张凤娟, 李继泉, 徐兴友, 孟宪东, 陈发菊. 皂荚和五角枫挥发性物质组成及其对空气微生物的抑制作用. 园艺学报, 2007, 34(4): 973-978.