



塔克拉玛干沙尘暴源区空气细菌群落多样性

王丹丹^{1,2}, 林青², 欧提库尔·玛合木提², 杨红梅², 娄恺^{2*}

¹新疆大学生命科学与技术学院, 新疆 乌鲁木齐 830046

²新疆农业科学院微生物应用研究所, 新疆 乌鲁木齐 830091

摘要:【目的】采集新疆塔克拉玛干沙漠腹地和周围沙尘暴源区空气样品, 对不同样点沙尘暴发生前期、中期、后期空气细菌进行群落结构解析。阐明新疆沙尘暴源区空气细菌种属特征和群落多样性动态变化规律。【方法】基于 Illumina HiSeq 测序平台, 利用双末端测序方法, 构建 16S rRNA 小片段文库进行测序。【结果】塔克拉玛干沙尘暴源区空气细菌主要分为 4 门 37 个属, Proteobacteria 占 67.6%、Bacteroidetes 占 17.6%、Actinobacteria 占 11.7%、Firmicutes 占 2.9%; 在属水平上, 新疆沙尘暴源区有 8 个不同优势属, 非度量多维尺度分析表明, 不同样点在不同时期的细菌群落组成差异极显著; 典范对应分析表明, 环境因子对沙尘暴源区空气细菌多样性的影响大小为: 海拔>纬度>经度>湿度>气压>温度, 且差异不显著。【结论】新疆沙尘暴源区空气细菌群落多样性和丰富度高; 不同样点沙尘暴前期、中期、后期的空气细菌群落组成差异极显著; 沙尘暴对 5 个源区固有细菌群落影响差异极显著。

关键词: 沙尘暴源区, 高通量测序, 细菌多样性

空气微生物指悬浮在空气中的细菌、真菌、病毒和真菌孢子等, 主要来源于土壤、水体表面、动植物表面。随着空气污染的日益严重, 悬浮在空气中的固体颗粒污染物也随之增多。空气悬浮物中微生物的多样性和丰富度与温度、空气湿度、气候、海拔、紫外线指数、CO₂ 浓度等环境因子有关。空气属于寡营养环境, 不利于微生物的生长、代谢和繁殖。2016 年 Smets 等的研究表明, 空气中存在一定量的微生物, 且代谢能力强, 主

要是一类非病原性腐生菌; 空气微生物不仅具有生态效益, 还与空气质量和人类疾病密切相关^[1-4]。沙尘暴多发生在干旱或半干旱地区, 可根据能见度分为浮尘、扬沙、沙尘暴、强沙尘暴, 全球沙尘暴源区每年可向大气中投放 3 亿 t 沙子^[5]。

新疆塔克拉玛干沙漠位于新疆南部塔里木盆地中心, 是中国第一大沙漠和世界第二大流动性沙漠, 面积 33.76 万 km², 每年春秋两季, 沙漠周围地区及腹地沙尘天气平均多达 90 d, 对当地以

基金项目: 国家自然科学基金(31660028)

*通信作者。E-mail: loukai@mail.tsinghua.edu.cn

收稿日期: 2017-09-18; 修回日期: 2017-12-21; 网络出版日期: 2018-01-08

及沙尘暴所到区域的环境、农业生产及居民健康造成了不可评估的影响^[6-7]。传统生物技术研究空气微生物多样性存在许多局限性。传统的限制性末端分析技术在引物、限制性酶的选择和易形成假末端限制性片段而导致过多地估计了沙尘空气细菌的多样性。因此本研究利用二代测序技术^[8-9], 通过构建 16S rRNA 小片段基因文库, 对新疆沙尘暴源区空气细菌进行深度测序, 以塔克拉玛干沙尘暴源区(尉犁、若羌、且末、民丰和塔中地区)为研究对象, 采集沙尘暴发生前期、中期、后期空气样品。沙尘暴是一类流动性较强的生境, 因此本研究采集 5 个样点沙尘的不同时期空气样品, 比较不同时期和不同样点空气细菌群落的动态变化特征。并结合前人研究结果, 解析塔克拉玛干沙漠腹地和周边沙尘暴空气细菌群落多样性, 为沙尘暴灾害的预警和沙尘暴空气细菌的区域性研究提供基础数据。

1 材料和方法

1.1 材料

液体撞击式空气气溶胶采样器; 采样管; 恒温水浴锅; EP 管; 离心机; PBS 缓冲液(配方: NaCl 135 mmol/L, KCl 2.7 mmol/L, KH₂PO₄ 1.5 mmol/L, K₂HPO₄ 8 mmol/L, pH 7.2, 121 °C 灭菌 30 min);

GTE buffer(配方: Tris-Cl 5 mmol/L, EDTA mmol/L, 蔗糖 0.075 mmol/L, pH 8.0, 115 °C 灭菌 15 min); 30% SDS; 3% CTAB; 10 mg/mL 蛋白酶 K; 酚氯仿 异戊醇(25:24:1); 预冷 70% 乙醇。

1.2 空气微生物样品的采集

2017 年 3 月 30 日至 4 月 6 日为沙尘天气高发期, 采集新疆塔克拉玛干沙漠周围及腹地 5 个地区沙尘天气前、中、后期空气样品。利用液体撞击式气溶胶采样器^[10], 将 20 mL PBS 缓冲液装入玻璃采样管中, 调节空气流量 11 L/min, 设置计时采样时间为 20 min, 采集塔克拉玛干沙漠南缘地区尉犁、若羌、且末、民丰和腹地塔中沙尘天气发生不同时期空气微生物样品各 80 mL。采集后的样品置于 -20 °C 下保存备用。采样地信息和采样位点分布图见表 1。

1.3 CTAB 法提取总 DNA 及 PCR 扩增

将采集到的空气 PBS 缓冲液解冻后用 0.22 μm 滤膜进行过滤, 用 GTE Buffer 洗脱后提取总 DNA 并检测纯度^[11-12]。扩增体系如下: Phusion Master Mix (2×) 15 μL; Primer (2 μmol) 3 μL; 模板 DNA 0.1 μL; H₂O 2 μL (模板 DNA: 总 DNA 样品溶液, 加 dd H₂O 水稀释到 1 ng/L; 引物: 使用 16S rRNA V4 区 Barcode 序列(ACAGCAGA, TTCACGCA)的特异引物 515F: 5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3'、

表 1. 采样点环境信息

Table 1. Environment information of sampling spots

Regions	Longitude	Latitude	Sampling weather	Humidity/%	T/°C	Altitude/m
YL	08°18.145'	40°44.497'	Dust-storm	14	20	851
RQ	088°09.925'	39°01.104'	Sandstorm	16	24	908
MF	085°31.968'	38°08.410'	Sandstorm	23	21	1265
QM	083°11.442'	37°20.054'	Sandstorm	8	16	1365
TZ	083°37.753'	39°02.206'	Dust-storm	22	16	1115

YL-Yuli(尉犁); RQ-Ruoqiang(若羌); MF-Minfeng(民丰); QM-Qiemo(且末); TZ-Tazhong(塔中)。

806R : 5'-CCGTCAATTCCTTTGAGTTT-3')。反应程序 : 98 °C 60 s ; 98 °C 10 s , 50 °C 30 s , 72 °C 30 s , 30 个循环 ; 72 °C 5 min , 得到 PCR 产物后进行质量检测。

1.4 信息分析步骤

通过 Hiseq 2500 平台进行测序(诺禾致源生物信息科技有限公司, 天津)。测序得到的原始数据进行 : (1) Tags 截取(默认质量阈值为 9)碱基数(默认长度值为 3)的第一个, (2) 得到的 Tags 数据集进一步过滤掉其中连续高质量碱基长度小于 Tags 长度 75% 的 Tags。利用 Uparse v7.0.1001 进行操作分类单元 OTUs (定义 97% 一致性)的聚类 and 物种分类分析。使用 Qiime 软件 1.7.0 中的 blast 方法与 Unit 数据库(<http://unite.ut.ee/>)进行物种注释分析和物种的 α 多样性指数和 β 多样性指数分析。使用 R 软件 2.15.3 绘制 NMDS 图和 CCA 图^[13-15]。

2 结果和分析

2.1 16S rRNA 序列及 OTUs 分析

序列分析得到 14 个样品 16S rRNA 原始序列共计 1296886 ; 进行数据优化后得到 14 个样品有效序列共计 1200503 , 有效序列比例为 92.57% , 有效 OTUs 为 1447。将 $\geq 97\%$ 的序列一致性定义为一个 OTU , 表明空气微生物样品序列数量在 3500 时, 稀释曲线趋于平缓, 说明沙尘暴空气微生物的取样基本合理, 14 个样品测序相关数据如表 2 所示, 样品有效序列比例均高于 90% , 认为测序结果可靠合理, 能较为真实地反映出沙尘暴空气细菌的群落组成^[16]。

结合 14 个样本的 OTU 注释结果进行总体分析, 采用 GraPhlAn^[17]方法绘制沙尘暴空气细菌的群落组成和物种分类树(图 1)。图 1 表明, 沙尘暴源区

表 2. 14 个样品测序数据统计表

Table 2. Sequencing data statistics of 14 samples

Sample name	OTU numbers	Total sequence numbers	Effective sequence numbers	Effective sequence ratio/%
TZ1	109	109448	101891	93.10
TZ2	118	98183	88496	90.13
TZ3	104	64555	59766	92.6
MF1	97	74289	68943	92.8
MF2	109	114556	106474	92.94
MF3	112	112417	104459	92.92
QM1	102	103607	97072	93.64
QM2	109	96481	90043	93.33
QM3	102	113052	105185	93.04
YL1	105	104416	95394	91.36
YL2	128	62343	58127	93.24
YL3	113	108601	100793	92.81
RQ2	67	67997	60476	93.04
RQ3	72	69875	63374	90.70

1, 2, 3 represent the early, middle and late stage.

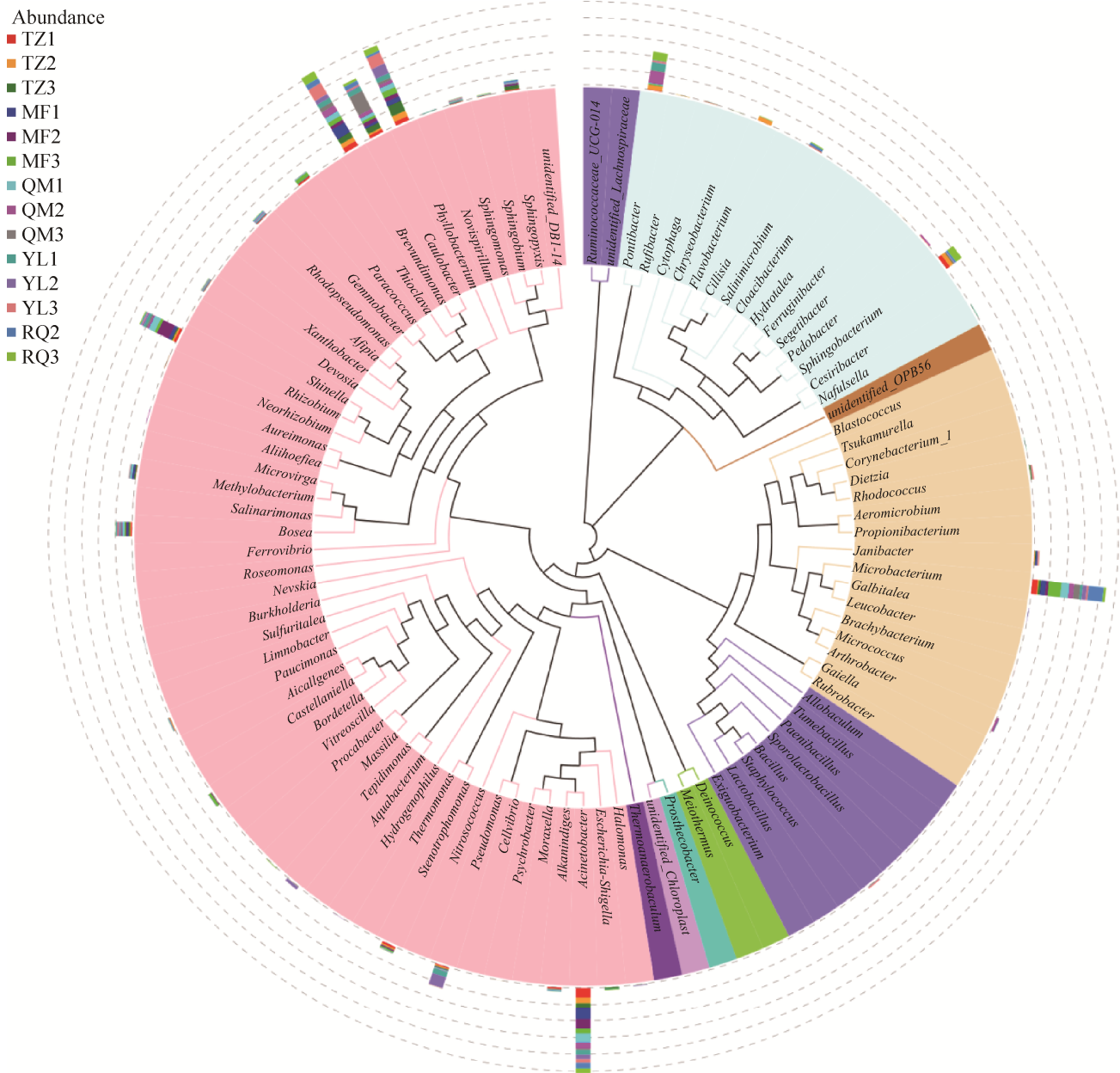


图 1. 基于 OTUs 注释结果的空气细菌群落等级树图

Figure 1. Airborne bacterial community tree based on OTUs annotation results. The circles in the picture represent different classification levels from inside to outside. The size of the circles is directly proportional to the abundance of the species. Pink circle-Proteobacteria; Blue circle-Bacteroidetes; Orange circle-Actinobacteria; Purple circle-Firmicutes.

空气细菌群落包括海洋杆菌属(*Pontibacter*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、寡养单胞菌属(*Stenotrophomonas*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、大肠-志贺氏杆菌属(*Escherichia-Shigella*)、微杆菌属(*Microbacterium*)等 37 个属。其中 8 个优势属为微杆

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*)。

2.2 α 多样性指数分析

α 多样性指数指示了 5 个不同沙尘暴源区生境内物种多样性, 使用 Qiime 软件计算(表 3)。沙尘暴源区空气细菌群落 chao1 指数平均值为 115.65, Shannon 指数平均值为 3.76。不同样品采集地细菌群落多样性, 均匀度和丰富度等方面存在差异, 塔中地区细菌多样性和丰度平均值最高, 尉犁地区、民丰地区、且末地区次之, 若羌地区最低^[18-22]。

2.3 β 多样性指数分析

β 多样性分析是结合加权距离和非加权距离两个指标来衡量两个样品间的相异系数, 其值的高低反映两个样品在物种多样性方面差异的大小。用 Qiime 软件计算基于加权距离并绘制 Heat-map 表明(图 2), 若羌地区、民丰地区、且末地区、尉犁地区、塔中地区差异系数平均值分别为 0.1823、0.2990、0.2680、0.3240、0.2280。沙尘暴前期、中期、后期差异系数平均值分别为 0.2244、0.3053、0.2844。结果表明, 尉犁地区和沙尘暴中期空气细

菌平均差异系数最大。

2.3.1 不同采样地物种丰富度: 在不同的分类水平上, 不同地区物种的组成和丰度存在差异。使用 R 软件对各地区样品在门水平上的组成类群(图 3)表明, 塔克拉玛干沙尘暴源区空气细菌群落共有 10 门, 主要为 Proteobacteria (67.6%)、Bacteroidetes (17.6%)、Actinobacteria (11.7%)、Firmicutes (2.9%), Proteobacteria 为新疆沙尘暴源区优势菌群。不同采样地区在属水平上的物种组成(图 4)表明, 5 个样点在前期、中期和后期优势菌群和细菌群落组成不同。塔中前期和后期优势属为不动杆菌属 (*Acinetobacter*)和叶杆菌属(*Phyllobacterium*); MF1、MF3 优势属分别为短波单胞属(*Breundimonas*)和微杆菌属(*Microbacterium*); QM1、QM3 优势菌属分别为微杆菌属 (*Microbacterium*)和柄杆菌属 (*Caulobacter*); YL1、YL3 优势菌群为海洋杆菌属 (*Pontibacter*)和短波单胞属(*Breundimonas*), 不同样点不同采样时期共有 9 个优势属。5 个样点在沙尘暴中期优势细菌不同, 沙尘暴显著影响沙尘源区空气固有的细菌群落。

表 3. 不同样品的 α 多样性指数表

Table 3. Table of index of diversity of different samples

Sample name	Shannon index	Simpson index	Chao1 index	ACE index	Goods-coverage
TZ1	4.282	0.920	121.667	122.033	1
TZ2	4.524	0.932	131.364	134.449	1
TZ3	3.798	0.882	114.111	113.690	1
MF1	3.455	0.855	104.000	107.801	1
MF2	3.615	0.859	125.000	132.401	0.999
MF3	3.732	0.875	123.059	128.605	1
QM1	3.600	0.879	120.100	121.066	1
QM2	3.765	0.882	145.000	129.303	0.999
QM3	3.044	0.753	114.400	119.617	1
YL1	4.344	0.982	110.000	111.576	1
YL2	3.522	0.851	133.250	138.761	1
YL3	3.520	0.832	134.000	131.261	0.999
RQ2	3.569	0.850	67.111	67.882	1
RQ3	3.756	0.893	76.000	75.722	1

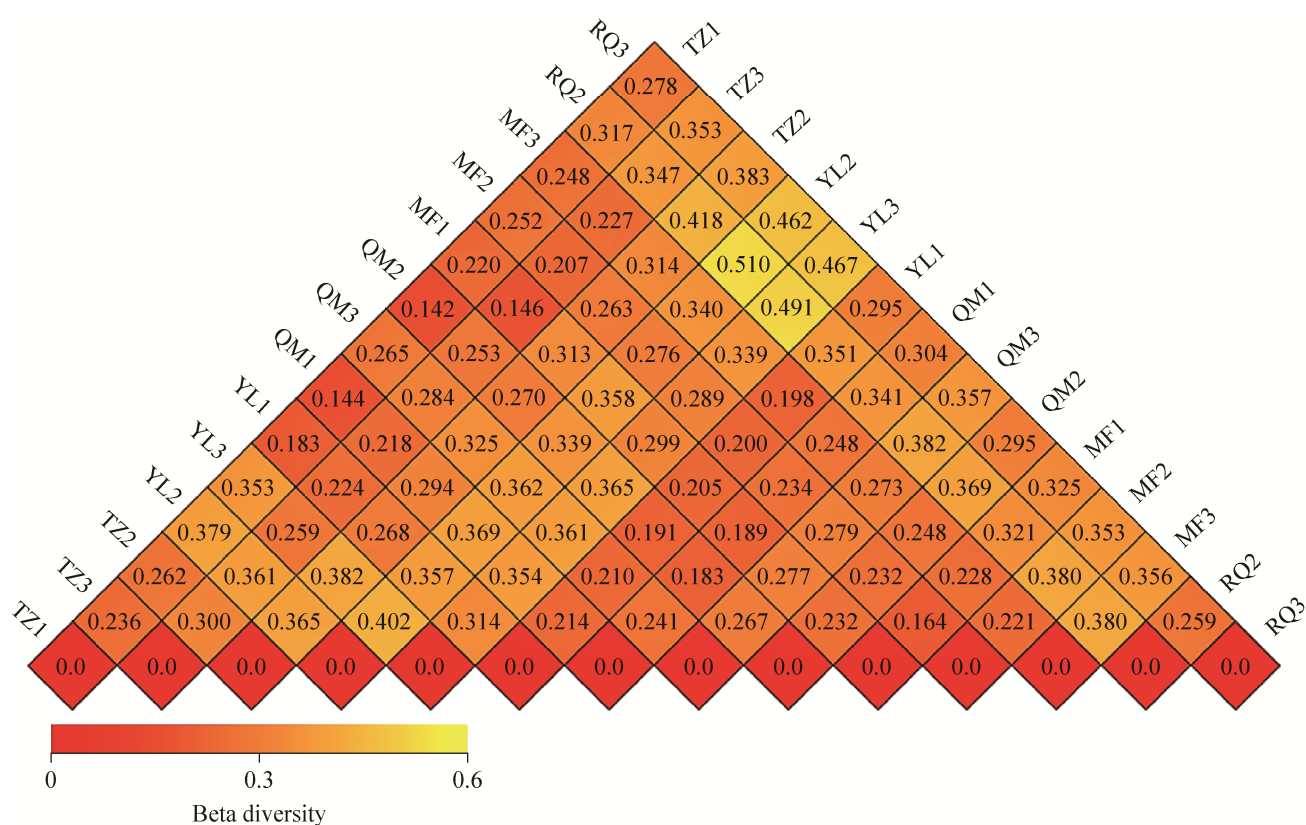


图 2. β 多样性指数热图
Figure 2. Beta diversity index heat map.

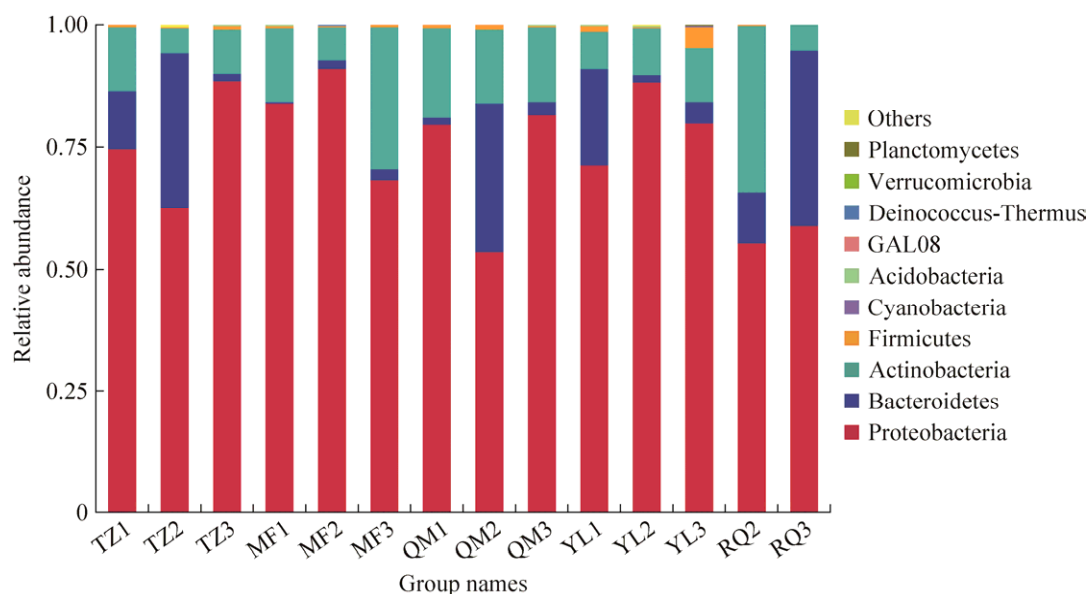


图 3. 不同样品在门水平上的物种相对丰度
Figure 3. The relative abundance of species at the phylum level of different samples.

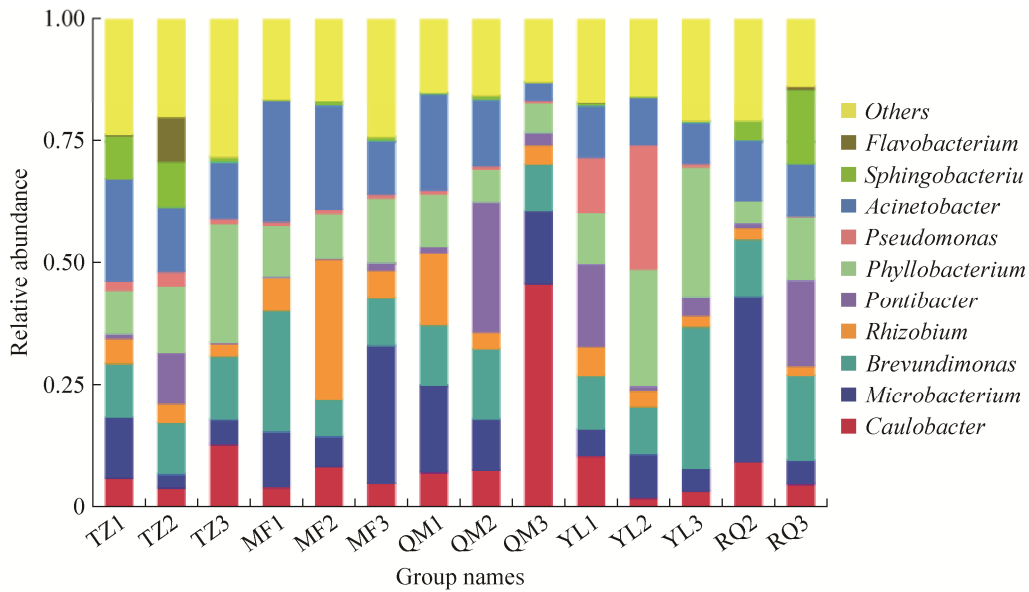


图 4. 不同样品在属水平上的物种相对丰度

Figure 4. The relative abundance of species at the genus level of different samples. The others representatives represent the sum of the relative abundances of all the other doors that are outside the 10 gates of the graph.

2.3.2 样品间物种丰度聚类:根据每个样品在目水平的物种注释及丰度信息,选取差异显著($P < 0.05$)的目进行聚类(图 5),表明不同样点优势目不同,其中尉犁地区有显著差异的物种丰富度最高,主要有 Oneanospirillales、Bacteroidales、Thermales、Rhodocyclales 等,占沙尘暴源区细菌差异物种的 50%;塔中地区次之,主要有 Sphingomonadales、Enterobacteriales 等,占沙尘暴源区细菌差异物种的 20%;若羌地区最低, Sphingobacteriales、Micrococcales 和 Cytophagales 仅占沙尘暴源区细菌差异物种的 6.7%。

2.3.3 无度量多维标定法(NMDS):NMDS 统计是一种适用于生态学研究非线性模型的排序方法,它克服了线性模型的缺点,更好地反映生态学数据的非线性结构。在 NMDS 分析时,通过点与点间的距离反映样本的组间和组内差异,其中距离越远,物种组成差异越大。基于塔克拉玛干沙尘暴发生前期、中期、后期 OTUs 水平的 NMDS

分析散点(图 6)表明,5 个样点在前中期和后期空气细菌组成差异极显著。塔中、民丰和且末 3 个地区之间沙尘暴中期空气细菌群落差异显著;若羌和尉犁地区之间细菌群落差异极显著。沙尘暴对 5 个源区固有空气细菌群落影响差异极显著。结合采样位点周围城市分布密度及周围人口密度,若羌和尉犁地区相对较大,因此细菌群落差异较大^[23]。

2.4 环境因子关联分析

典范对应分析(CCA)是结合采样地环境因子信息,阐述环境因子对沙尘暴空气细菌群落多样性的影响。图 7 表明,不同环境因子对塔克拉玛干沙尘暴源区空气微生物多样性影响的大小为海拔>纬度>经度>湿度>气压>温度。海拔和纬度与沙尘暴空气细菌群落多样性负相关。温度、湿度、气压和经度与沙尘暴空气细菌多样性正相关,这与空气微生物的空间垂直分布规律相吻合。6 类环境因子对沙尘暴空气细菌群落多样性的影响差异不显著($P = 0.102 > 0.05$)。

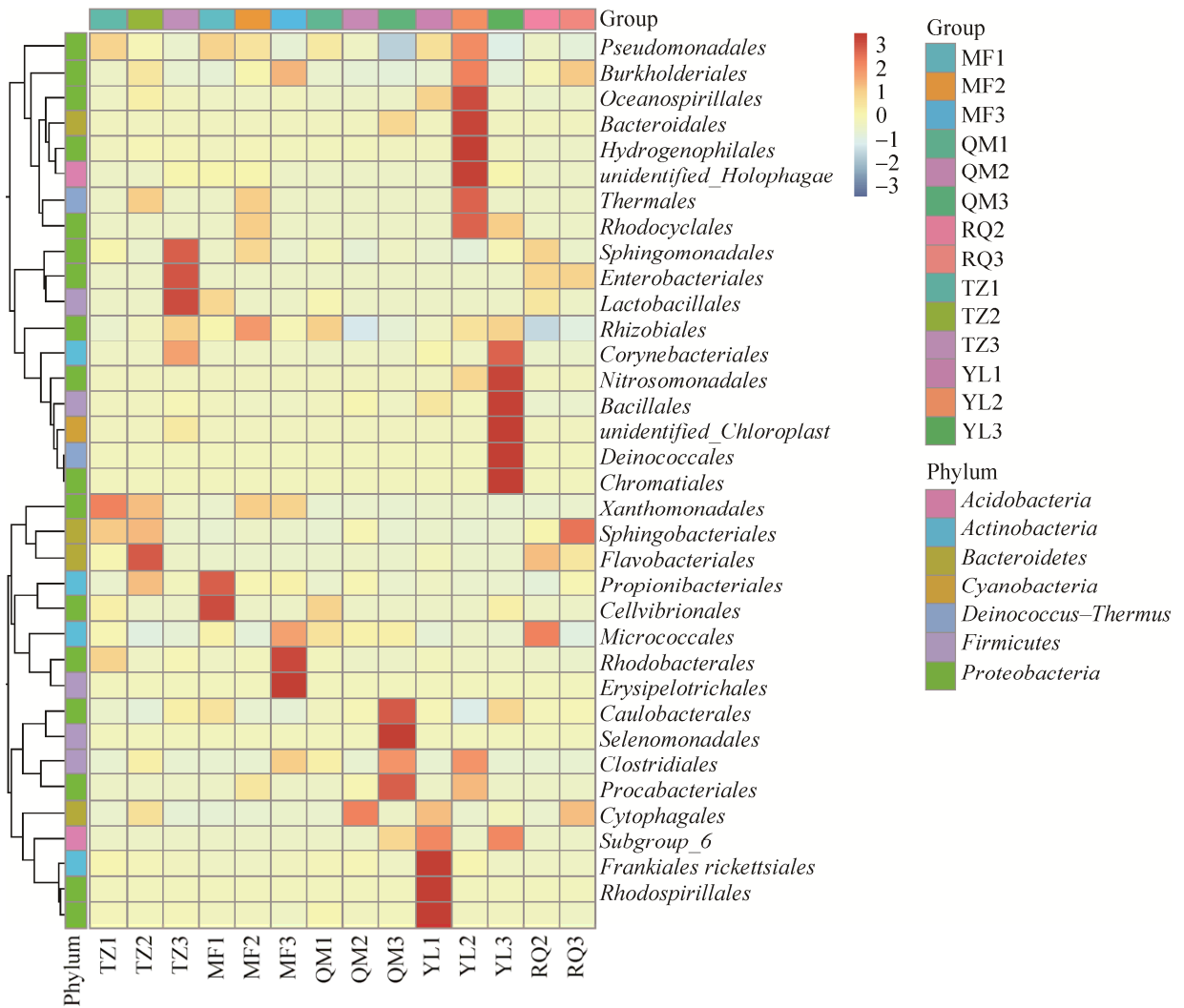


图 5. 物种丰富度聚类热图

Figure 5. Species richness clustering heat map.

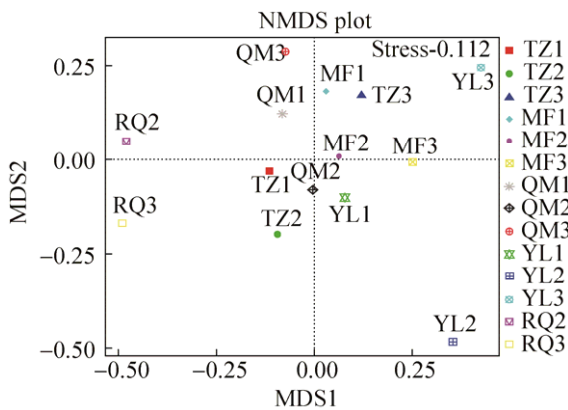


图 6. 不同样品 NMDS 分析图

Figure 6. NMDS analysis diagram of different samples.

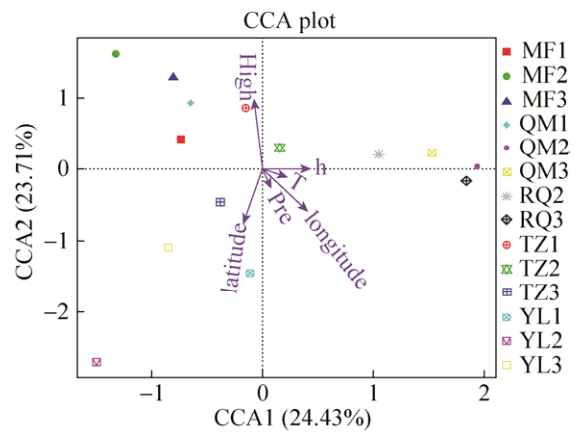


图 7. 不同样品的典范对应分析图

Figure 7. Canonical correspondence analysis diagram of different samples.

3 讨论

本研究结果表明新疆沙尘源区主要有 Proteobacteria、Bacteroidetes、Actinobacteria 和 Firmicutes, 优势门为 Proteobacteria; 沙尘暴前期、中期、后期空气细菌优势菌群不同, 在细菌群落组成结构上差异极显著; 5 个样点之间优势物种组成差异显著。前人^[24-25]采用限制性末端分析(T-RFLP)方法, 研究新疆塔克拉玛干沙尘暴空气微生物多样性和伽师县沙尘天气过程中空气微生物群落多样性结果基本一致, 其中空气细菌类群主要为 4 个门, 其他相关研究表明在青岛市秋季空气和 PM_{2.5}, PM₁₀ 颗粒物中 Proteobacteria 中的 *Acinetobacter* 均为细菌群落组成中的主要菌群, 差别为大气 PM_{2.5}、PM₁₀ 中细菌多样性和丰富度均低^[26-28]。在比较空气、沙尘暴和大气颗粒污染物空气细菌在多样性和丰富度上依次降低, 这可能与沙尘暴和大气颗粒污染物的极端环境因子有关。在沙尘暴过程中, 强大的风力作用伴随沙尘使细菌大量悬浮在空中, 使得源区固有空气细菌群落结构和优势菌群发生改变, 并影响沙尘暴后源区空气细菌群落的结构。但目前尚没有研究表明沙尘暴对空气微生物群落的影响能够持续多久, 但在沙尘暴优势菌中发现在一类细菌在细胞结构上有特殊的结构, 其中 Proteobacteria 中有些类群利用鞭毛运动, 也有一些独特的黏细菌, 能够聚集成细胞群形成子实体。

本研究解析沙尘暴空气细菌存在不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*), 这类细菌中包含一些病原菌或条件致病菌, 在一定程度上能够引起呼吸道感染和尿道感染等临床表现特征^[29-30]。苟欢歌^[31]等研究空气 TSP 和 PM₁₀ 中微生物的群落特征表明, 依附在大气污染的固体颗粒物上有弧菌属 (*Vibrio*)、沙

门氏菌属 (*Salmonella*) 等病原菌, 同时也出现在本研究沙尘暴空气细菌中。高金霞^[6]进一步对西北沙漠毒理性和风沙尘肺调查表明, 长期暴露在风沙中患“尘肺病”的概率增大。目前, 采用免培养实验方法尚不能确定沙尘暴携带的病原菌具体的毒理效应。提高沙尘暴空气细菌可培养的措施, 研发新型培养基, 结合可培养实验方法, 对细菌进行分离, 纯化后对其理化性质和毒理性进行更深入的研究。

参 考 文 献

- [1] Sun PY, Liu XL, Liu JL, Dai LY. Recent research progress on air microorganism. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2010, 26(11): 336-340. (in Chinese)
孙平勇, 刘雄伦, 刘金灵, 戴良英. 空气微生物的研究进展. *中国农学通报*, 2010, 26(11): 336-340.
- [2] Wang X, Ma Y, Chen HW. Climatic characteristics of sandstorm in Xinjiang. *Journal of Desert Research*, 2003, 23(5): 539-544. (in Chinese)
王旭, 马禹, 陈洪武. 新疆沙尘暴天气的气候特征. *中国沙漠*, 2003, 23(5): 539-544.
- [3] Wang W, Fang ZY. Review of duststorm weather and research progress. *Journal of Applied Meteorological Science*, 2004, 15(3): 366-381. (in Chinese)
王伟, 方宗义. 沙尘暴天气及其研究进展综述. *应用气象学报*, 2004, 15(3): 366-381.
- [4] Smets W, Moretti S, Denys S, Lebeer S. Airborne bacteria in the atmosphere: Presence, purpose, and potential. *Atmospheric Environment*, 2016, 139: 214-221.
- [5] He M, Ichinose T, Yoshida S, Yamamoto S, Inoue K, Takano H, Yanagisawa R, Nishikawa M, Mori I, Sun GF, Shibamoto T. Asian sand dust enhances murine lung inflammation caused by *Klebsiella pneumoniae*. *Toxicology & Applied Pharmacology*, 2012, 258(2): 237-247.
- [6] 高金霞. 西北地区沙漠尘毒性研究及风沙尘肺调查分析. 兰州大学硕士学位论文, 2009.
- [7] Lee S, Choi B, Yi SM, Ko G. Characterization of microbial community during Asian dust events in Korea. *Science of the Total Environment*, 2009, 407(20): 5308-5314.
- [8] Lim N, Munday CI, Allison GE, O'Loingsigh T, de Deckker P, Tapper NJ. Microbiological and meteorological analysis of two Australian dust storms in April 2009. *Science of the Total Environment*, 2011, 412-413: 223-231.
- [9] Ma YX, Zhou JD, Yang SX, Zhao YX, Zheng XD. Assessment

- for the impact of dust events on measles incidence in western China. *Atmospheric Environment*, 2017, 157: 1–9.
- [10] Li HF, Li ZJ, Qu JH, Wang JS. Bacterial diversity in traditional Jiaozi and sourdough revealed by high-throughput sequencing of 16S rRNA amplicons. *LWT - Food Science and Technology*, 2017, 81: 319–325.
- [11] Zhang R, Thiyagarajan V, Qian PY. Evaluation of terminal-restriction fragment length polymorphism analysis in contrasting marine environments. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 65(1): 169–178.
- [12] Oren A, Jiao ZW, Janbolat, Mu GL, Yang XR. Determination of bacteria diversity of degraded grassland in Xinyuan county by high-throughput sequencing technology. *Microbiology China*, 2017, 44(3): 545–553. (in Chinese)
吾尔恩·阿合别尔迪, 焦子伟, 江波拉提, 木古丽, 杨晓绒. 高通量测序技术分析新疆新源县过度放牧土壤细菌多样性. *微生物学通报*, 2017, 44(3): 545–553.
- [13] Xia WW, Jia ZJ. Comparative analysis of soil microbial communities by pyrosequencing and DGGE. *Acta Microbiologica Sinica*, 2014, 54(12): 1489–1499. (in Chinese)
夏围围, 贾仲君. 高通量测序和 DGGE 分析土壤微生物群落的技术评价. *微生物学报*, 2014, 54(12): 1489–1499.
- [14] Yang JH, Zhao ZH, Guo WB, Guo JL. Effects of deoxynivalenol on intestinal microbiota of mice analyzed by Illumina-MiSeq high-throughput sequencing technology. *Chinese Journal of Animal Nutrition*, 2017, 29(1): 158–167. (in Chinese)
杨俊花, 赵志辉, 郭文博, 郭晋雨. 应用 Illumina-MiSeq 高通量测序技术分析脱氧雪腐镰刀菌烯醇对小鼠肠道菌群的影响. *动物营养学报*, 2017, 29(1): 158–167.
- [15] Wen ZB, Li JS. Progress in the application of molecular biology in the research of microbial aerosol in the air. *Progress in Microbiology and Immunology*, 2007, 35(2): 69–71. (in Chinese)
温占波, 李劲松. 分子生物学在空气微生物气溶胶研究中的应用进展. *微生物学免疫学进展*, 2007, 35(2): 69–71.
- [16] Sun Y, Xie BZ, Wang MJ, Dong C, Du XJ, Fu YM, Liu H. Microbial community structure and succession of airborne microbes in closed artificial ecosystem. *Ecological Engineering*, 2016, 88: 165–176.
- [17] Asnicar F, Weingart G, Tickle TL, Huttenhower C, Segata N. Compact graphical representation of phylogenetic data and metadata with GraPhlAn. *PeerJ*, 2015, 3: e1029.
- [18] Fang ZG, Hao CM, Chao WC, Ouyang ZY. Culture-dependent and culture-independent approaches for studying airborne microbial diversity. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(14): 4244–4253. (in Chinese)
方治国, 郝翠梅, 晁文冲, 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.
- [19] Noval Rivas M, Burton OT, Wise P, Zhang YQ, Hobson SA, Garcia Lloret MC, Chehoud C, Kuczynski J, DeSantis T, Warrington J, Hyde ER, Petrosino JF, Gerber GK, Bry L, Oettgen HC, Mazmanian SK, Chatila TA. A microbiota signature associated with experimental food allergy promotes allergic sensitization and anaphylaxis. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2013, 131(1): 201–212.
- [20] 王琳. 青岛市市区街道和人工湿地空气微生物群落结构研究. 青岛理工大学硕士学位论文, 2014.
- [21] 张旭. 空气微生物群落结构组成及影响因素研究. 浙江大学硕士学位论文, 2016.
- [22] Lu WY, Lü J, Yan L, Li H, Ji AB, Yang RJ, Sheng J. Community structure and ecological distribution of airborne Microorganisms in the Pu'er tea growing environment. *Journal of Beijing University of Chemical Technology (Natural Science)*, 2013, 40(4): 103–108. (in Chinese)
路韦尧, 吕杰, 严亮, 李灏, 季爱兵, 杨瑞娟, 盛军. 普洱茶区空气微生物的群落结构及生态分布. *北京化工大学学报(自然科学版)*, 2013, 40(4): 103–108.
- [23] 李红梅. 基于 16SrDNA 高通量测序的猪舍空气微生物检测及其污染传播研究. 四川农业大学硕士学位论文, 2014.
- [24] 段魏魏. 新疆沙尘暴源区塔克拉玛干沙漠空气微生物多样性研究. 新疆大学硕士学位论文, 2011.
- [25] 白雪. 塔克拉玛干沙漠西缘沙尘天气过程中空气微生物群落多样性. 新疆大学硕士学位论文, 2013.
- [26] Wang L, Song ZW, Xu AL, Wu DD, Xia Y. Phylogenetic diversity of airborne microbes in Qingdao downtown in autumn. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(4): 1121–1129. (in Chinese)
王琳, 宋志文, 徐爱玲, 吴等等, 夏岩. 青岛市秋季空气微生物群落多样性. *应用生态学报*, 2015, 26(4): 1121–1129.
- [27] Liao X, Hu AY, Yang XY, Chen JS, Yu CP, Lin JQ. Community composition and environmental sources of bacteria and eukaryotic microorganisms in fine air particulate (PM_{2.5}) of Xiamen in winter. *Ecology and Environmental Sciences*, 2013, 22(8): 1395–1400. (in Chinese)
廖旭, 胡安谊, 杨晓永, 陈进生, 于昌平, 林建清. 厦门冬季 PM_{2.5} 颗粒物中细菌和真核微型生物群落组成及其来源分析. *生态环境学报*, 2013, 22(8): 1395–1400.
- [28] Wang BY, Lang JD, Zhang LN, Fang JH, Cao C, Hao JM, Zhu T, Tian G, Jiang JK. Characterizing Beijing's airborne bacterial communities in PM_{2.5} and PM₁₀ samples during haze pollution episodes using 16S rRNA gene analysis method. *Environmental Science*, 2015, 36(8): 2727–2734. (in Chinese)
王步英, 郎继东, 张丽娜, 方剑火, 曹晨, 郝吉明, 朱听, 田埂, 蒋靖坤. 基于 16S rRNA 基因测序法分析北京霾污染过程中 PM_{2.5} 和 PM₁₀ 细菌群落特征. *环境科学*, 2015, 36(8): 2727–2734.
- [29] Qu JY, Lü XJ. Research advances in resistant mechanism of *Acinetobacter* to tigecycline and polymyxin. *Chinese Journal of Antibiotics*, 2013, 38(7): 492–497. (in Chinese)

- 曲俊彦, 吕晓菊. 不动杆菌对替加环素及多黏菌素耐药机制研究进展. *中国抗生素杂志*, 2013, 38(7): 492–497.
- [30] Shi QF, Gao L. Clinical feature of hospital acquired infection caused by *Flavobacterium meningosepticum* in patients of ICU and drug resistance analysis. *International Journal of Laboratory Medicine*, 2013, 34(1): 27–28. (in Chinese)
- 石青峰, 高玲. ICU 脑膜炎败血杆菌所致医院获得性感染的临床特征及耐药性分析. *国际检验医学杂志*, 2013, 34(1): 27–28.
- [31] Gou HG, Xie CB, Tong YB, Li SM, Lu JJ. Assessment of microbial communities in TSP and PM₁₀ of Shihezi during spring. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2017, 11(4): 2343–2349. (in Chinese)
- 苟欢歌, 谢纯斌, 童延斌, 李珊蔓, 鲁建江. 石河子市春季大气颗粒物 TSP 和 PM₁₀ 中微生物群落特征. *环境工程学报*, 2017, 11(4): 2343–2349.

Diversity of airborne bacterial communities in sandstorm area of Taklimakan

Dandan Wang^{1,2}, Qing Lin², OTKUR·Mahmut², Hongmei Yang², Kai Lou^{2*}

¹ College of Life Science and Technology, Xinjiang University, Urumqi 830046, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China

² Institute of Microbiology, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, Xinjiang Uygur Autonomous Region, China

Abstract: [Objective] Aimed to clarify the dynamic changes of airborne bacterial species and community diversity in sandstorm source areas in Xinjiang, we collected air samples from the dust source areas in the hinterland of Taklimakan and surroundings, and analyzed the community structure of airborne bacteria in the early, middle and late stages of sandstorm occurrence. [Methods] Based on the Illumina HiSeq sequencing platform, we constructed the 16S rRNA small fragments library by sequencing using double-end sequencing. [Results] The dust storm source bacteria belonged to 37 genera and affiliated to 4 phyla, and Proteobacteria accounted for 67.6%, Bacteroidetes accounted for 17.6%, Actinobacteria accounted for 11.7%, Firmicutes accounted for 2.9%. At genus level, there were altogether 8 different dominant genera in Xinjiang sandstorm source area, and the Non-metric Multidimensional Scaling result showed the significant differences in bacterial community composition at different sampling sites in different periods. The canonical correspondence analysis showed that the influence of airborne bacterial diversity in sandstorm area with environmental factors was as follows: altitude>latitude>longitude>humidity>air pressure>temperature with no significant difference. [Conclusion] The diversity and abundance of airborne bacterial community in the sandstorm source area in Xinjiang were very high. The differences of air bacterial community composition in the early, middle and late stages of sandstorm were significant in different areas. The influence of sandstorm on the indigenous bacterial communities in the five source areas was extremely significant.

Keywords: sand storm source area, high throughput sequencing, diversity of bacteria

(本文责编: 张晓丽)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (31660028)

*Corresponding author. E-mail: loukai@mail.tsinghua.edu.cn

Received: 18 September 2017; Revised: 21 December 2017; Published online: 8 January 2018