

## 研究报告



## 工业有机污染对小型水体沉积物真菌群落的影响分析

宋凤鸣 郭丹丹 陈银刚 杨淇棕 王文明\*

湖南先导洋湖再生水有限公司 湖南 长沙 410208

**摘要:**【背景】有机污染对水体沉积物中的微生物多样性影响极大,而目前有关污染水体沉积物中真菌多样性的研究较少。【目的】研究不同程度有机污染下水体沉积物中真菌种群的多样性特征,探究工业有机污染对真菌群落的影响。【方法】应用化学分析方法和高通量测序技术进行研究,并分析水质、沉积物成分等环境因子与沉积物真菌多样性的相关性。【结果】随着污染程度的降低,水体沉积物中真菌序列数、OTU数和Shannon多样性指数均呈上升趋势。未分类真菌、子囊菌门和担子菌门是沉积物真菌群落中的主要优势种类,主要优势属为 *Zopfiella*、*Westerdykella*、*Clypeosphaeria*、*Ilyonectria*、*Paracremonium*、*Aspergillus*。真菌Shannon指数与水体溶解氧(dissolved oxygen, DO)极显著正相关,与沉积物有机质和总磷含量显著负相关,Simpson指数与水体总氮(total nitrogen, TN)、氨氮( $\text{NH}_3\text{-N}$ )、总磷(total phosphorus, TP)显著相关。【结论】有机污染导致水体溶解氧下降和沉积物有机质增加,从而导致污染区真菌多样性显著下降。*Zopfiella*、*Penicillium*、*Emericellopsis*、*Westerdykella*、*Jugulospira*、*Chromelosporium*可能参与曝气处理区域沉积物兼氧条件下污染物的去除,*Ilyonectria*、*Mortierella*、*Epicoccum*可能主要参与水生生物残体分解、污染物的吸附沉降等过程。

关键词: 有机污染, 沉积物, 真菌群落, 多样性

## Influence of industrial organic pollution on fungal community in the sediment of small water body

SONG Feng-Ming GUO Dan-Dan CHEN Yin-Gang YANG Qi-Liang  
WANG Wen-Ming\*

Hunan Pilot Yanghu Reclaimed Water Company Limited, Changsha, Hunan 410208, China

**Abstract:** [Background] Organic pollution has a great impact on the microbial diversity of sediment. At present, there are few studies on the fungal community of sediment in polluted water. [Objective] To study the diversity characteristics of fungal community in the sediment of different degrees of organic pollution, and explore the influence of industrial organic pollution on the community structure of fungi. [Methods] Chemical analysis and high-throughput sequencing was adopted to study, and the relationship between environmental factors such as water quality, components of sediment and fungal diversity was analyzed.

**Foundation items:** Natural Science Foundation of Hunan Province (2018JJ3375); Changsha Science and Technology Program (kh1902279)

\*Corresponding author: E-mail: w.m.wang@126.com

Received: 01-03-2020; Accepted: 24-04-2020; Published online: 01-06-2020

基金项目: 湖南省自然科学基金(2018JJ3375); 长沙市科技计划项目(kh1902279)

\*通信作者: E-mail: w.m.wang@126.com

收稿日期: 2020-03-01; 接受日期: 2020-04-24; 网络首发日期: 2020-06-01

**[Results]** With the decrease of pollution degree, the number of fungal sequences, OTU and Shannon index in sediment were all increased. Unclassified Fungi, *Ascomycota* and *Basidiomycota* were the dominant species of the fungal community in the sediment. *Zopfiella*, *Westerdykella*, *Clypeosphaeria*, *Ilyonectria*, *Paracremonium* and *Aspergillus* were the main dominant genera in sediment. Shannon index was significantly correlated with DO of water body, negatively correlated with organic matter and total phosphorus content of sediment. Simpson index was significantly correlated with TN,  $\text{NH}_3\text{-N}$  and TP of water body. **[Conclusion]** Organic pollution leads to the decrease of dissolved oxygen in water and the increase of organic matter in sediment, which finally leads to the significant decrease of fungal diversity in the polluted area. *Zopfiella*, *Penicillium*, *Emericlelopsis*, *Westerdykella*, *Jugulospora* and *Chromelosporium* may be mainly involved in the removal of pollutants in the aeration treatment area under facultative condition. *Ilyonectria*, *Mortierella* and *Epicoccum* maybe mainly involved in the decomposition of aquatic organism residues and the adsorption and settlement of pollutants.

**Keywords:** Organic pollution, Sediment, Fungal community, Diversity

在水污染治理中,以菌胶团形式大量存在的细菌是有机污染物去除的功能微生物主体,但不少研究表明,真菌也是水环境中重要的有机物分解者。谢文斐等<sup>[1]</sup>通过理化指标和微生物指标的测定研究了沙溪水污染对微生物群落的影响,分析得出化学需氧量(chemical oxygen demand, COD)与真菌总数显著相关,优势种类为青霉和木霉。郑九文等<sup>[2]</sup>通过真菌 18S rRNA 基因序列扩增和测序研究了不同水生植物残体分解过程中的真菌群落,发现水中优势真菌主要为担子菌,表层沉积物优势类群为壶菌。宣淮翔等<sup>[3]</sup>利用 PCR-DGGE 方法研究了太湖不同湖区水体及沉积物中的水生真菌多样性,发现 *Marchandiomyces*、*Tomentella* 等担子菌和 *Glonium* 等子囊菌为优势水生真菌类群。Zhang 等<sup>[4]</sup>应用定量 PCR 和高通量测序技术研究了供水水库沉积物中真菌群落分布,发现 *Rhizophyidium* 等壶菌以及 *Mattiolomyces*、*Elaphomyces* 等担子菌为优势菌群,并强调沉积物真菌对水体污染物的降解作用值得关注和进一步研究。目前有关污染水体对沉积物细菌影响的研究有较多报道<sup>[5-9]</sup>,但对污染水体沉积物的真菌群落少有研究<sup>[1]</sup>。

本研究以某典型工业有机污染的封闭水体为研究对象,采用化学分析与分子生物学技术相结合的策略,利用 Illumina 平台高通量深度测序技术分析水体沉积物真菌群落结构,分析不同程度有机污

染下水体沉积物中真菌种群的变化特征,探讨水质污染对真菌群落结构的影响,以期阐释微生物修复有机污染的机理提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品来源及采号点法

该水体名为天鹅湖,位于北纬  $\text{N}28^{\circ}07'23.28''$ ,东经  $\text{E}112^{\circ}56'34.35''$ 。该景观湖水域面积约  $20\,000\text{ m}^2$ ,平均水深  $1.8\text{ m}$ ,湖体围绕建筑呈 C 型分布(图 1)。湖中有景观桥及土埂围挡,将水体分为 a、b、c、d 4 个区域,其中 a 区域为雨水和景观补水入口。污染发生前该水体水质达地表水三类标准,污染发生后水体透明度下降,观感极差。经污染源排查,发现附近建筑空调管道内约  $1\,000\text{ kg}$  防冻液泄露,从 a 区域的雨水口(图中标记为 o)流入湖体。防冻液的成分包括涤纶乙二醇、硼砂、亚硝酸盐、消泡剂、苯骈三氮唑、三乙醇胺、苯甲酸钠等。由于泄露的防冻液量大,造成湖内 a、b 区域大量水生动植物因中毒和厌氧而死亡腐烂,水质严重恶化。

污染发生后进行了水体采样分析、污染拦截、曝气等处理。在各区域采集水样并保存。同时用消毒处理的彼得森采泥器在各区域采集  $0\text{--}10\text{ cm}$  表层沉积物样品,沉积物设 5 个重复,混合为一个样,并装入灭菌自封袋,分别记为 a、b、c、d,置于保温箱中带回实验室。



图 1 污染水体平面图

Figure 1 Plane figure of polluted water body

## 1.2 主要试剂和仪器

硫酸、重铬酸钾、硫酸银、硫酸汞、硫酸亚铁铵、邻苯二甲酸氢钾、七水合硫酸亚铁、硝酸、高氯酸、氢氧化钠、过硫酸钾、抗坏血酸、钼酸盐、磷标准储备液、酚酞等化学试剂，长沙市裕丰化玻器械有限公司；土壤 DNA 快速提取试剂盒，生工生物工程(上海)股份有限公司。紫外光度计，岛津公司；离心机，西格玛奥德里奇(上海)贸易有限公司；PCR 仪，Bio-Rad 公司。

## 1.3 水质和沉积物营养成分测定

水体总氮(total nitrogen, TN)的测定采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法，水体总磷(total phosphorous, TP)的测定采用钼酸铵分光光度法，COD 的测定采用重铬酸钾法，酸碱度和溶解氧(dissolved oxygen, DO)采用便携式仪器测量。沉积物全氮的测定参照凯氏法，总磷的测定参照碱熔-钼锑抗分光光度法，有机质的测定参照重铬酸钾容量法<sup>[9]</sup>。

## 1.4 DNA 提取、PCR 扩增及 MiSeq 测序

采用 DNA 提取试剂盒提取沉积物 DNA，PCR 扩增采用 ITS1 区域通用引物<sup>[10]</sup>ITS1F (5'-CTTGG TCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2R (5'-GCTGC

GTTCTTCATCGATGC-3')。PCR 反应采用 TransStart Fast<sup>pfu</sup> DNA Polymerase，20  $\mu$ L 反应体系，DNA 模板 10 ng，27 个循环，每个样本做 3 个重复<sup>[4]</sup>。PCR 产物切胶回收后用 Tris-HCl 洗脱，2%琼脂糖电泳检测。检测后进行荧光定量检测<sup>[4]</sup>和 MiSeq 文库构建，依照 Illumina MiSeq 平台的标准测试方法进行高通量测序。

## 1.5 真菌多样性数据分析

应用 USEARCH V10 进行数据优化和统计分析，优化数据的序列平均长度为 239.34 bp。将目标片段聚类成操作分类单元(OTU)，并选取代表性的序列与数据库比对，进行 OTU 物种注释，根据 OTU 的丰度及注释信息统计样品在各分类学水平上序列构成情况。采用 QIIME 平台 V1.9.0、RDP Classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析<sup>[11]</sup>，对比 UNITE 数据库，统计每个样品的群落组成。对在某个分类学水平上没有明确的分类信息或分类名称的种类以 Norank 标记，对在数据库中没有找到对应分类信息的种类以 Unclassified 标记。利用 Mothur 软件分析 Chao1、Shannon 和 Simpson 指数，用于指数评估的 OTU 相似水平为 97%<sup>[12-14]</sup>。

## 1.6 统计分析

利用 SPSS 20.0 分析水体中指标参数与真菌群落结构的关系。冗余分析(redundancy analysis, RDA)研究真菌群落和沉积物环境因子之间的关系，所用软件为 R 语言与 Canoco 5。

# 2 结果与分析

## 2.1 水质及沉积物成分分析

各采样点水质和沉积物成分见表 1。d 区基本未受污染，可达 GB3838-2002 地表水环境质量标准中Ⅳ类水标准，可视为洁净区域。a 区为严重污染区，水体 COD 含量为 440 mg/L，水质呈弱酸性，溶解氧含量接近于 0。经 b、c 区曝气、污染拦截等处理一段时间后，各污染指标均显著下降，b、c 区域 COD 含量分别为 339、52 mg/L。a、b、c 区域沉

表 1 水体水质和沉积物成分分析

Table 1 Water quality and components of sediment

Sample No.	pH	COD (mg/L)	DO (mg/L)	TN (mg/L)	NH <sub>3</sub> -N (mg/L)	TP (mg/L)	Organic matter in sediment (g/kg)	Total nitrogen in sediment (g/kg)	Total phosphorus in sediment (g/kg)
a	5.46±0.27d	440±13.50a	0.3±0.01d	5.38±0.27a	2.64±0.15a	1.04±0.05a	21.62±0.21a	8.41±0.002a	0.98±0.002a
b	5.75±0.29c	339±10.21b	1.1±0.04c	1.54±0.06b	0.32±0.02b	0.32±0.02b	9.91±0.12b	2.11±0.001d	0.86±0.003b
c	7.53±0.38b	52±1.56c	1.2±0.06b	0.53±0.02c	0.11±0.01c	0.05±0.01c	8.08±0.12c	2.15±0.001c	0.79±0.001c
d	7.58±0.38a	24±1.15d	1.5±0.06a	0.46±0.02d	0.10±0.01c	0.04±0.01d	6.45±0.15d	3.33±0.001b	0.70±0.003d

注：同列不同字母表示差异显著。  
Note: Different letters in same column indicate significant difference.

积物有机质、全磷均显著高于 d 点(6.45 g/kg)，a 点有机质含量达 21.62 g/kg，显著高于原水体沉积物有机质背景值。全氮则表现为先从 a 点 8.41 g/kg 下降至 b 点 2.11g/kg，后逐渐上升至 d 点 3.33g/kg。

2.2 沉积物真菌多样性分析

2.2.1 沉积物真菌多样性参数分析

如表 2 所示，在覆盖率大于 97%的情况下，a、b、c、d 样品分别获得 29 615、37 724、55 976、55 215 个序列和 588、505、739、735 个 OTU，其中样本 a 获得的序列数较样本 b 少，但样本 a 获得的 OTU 数目高于样本 b。从多样性指数来看，样本的 Chao1 指数与 OTU 一致，c>d>a>b。4 个样本真菌的 Shannon 指数在 3.97–5.12 之间，表现为 d>b>c>a，Simpson 指数则反之。随着污染程度降低，测得真菌序列数、OTU 数和 Shannon 多样性指数均呈上升趋势。

OTU 分布维恩图见图 2A。a、b、c 和 d 共有 OTU 数为 106，d 号点独有的 OTU 数最多，达 259，其次是 a、c 号点(221、216)，b 号点独有的 OTU 数最少，仅 169。a 和 b、b 和 d 共有 OTU 数相对较少(197、209)，a 和 c、a 和 d、b 和 c、c 和 d 共有 OTU 数分别为 257、255、259、347。a 和 b 和 c、

a 和 b 和 d、a 和 c 和 d、b 和 c 和 d 共有 OTU 数分别为 148、128、172、166。a、b 号点真菌 OTU 数相对较少，群落组成与 c、d 差异较大。由图 2B 多样品树状图可知，d 号与 c 号样品之间的真菌群落聚在一个分支，距离较近，群落结构组成及丰度相对接近；其次是 b 号样品，与 a 号样品距离最远，差异较大。

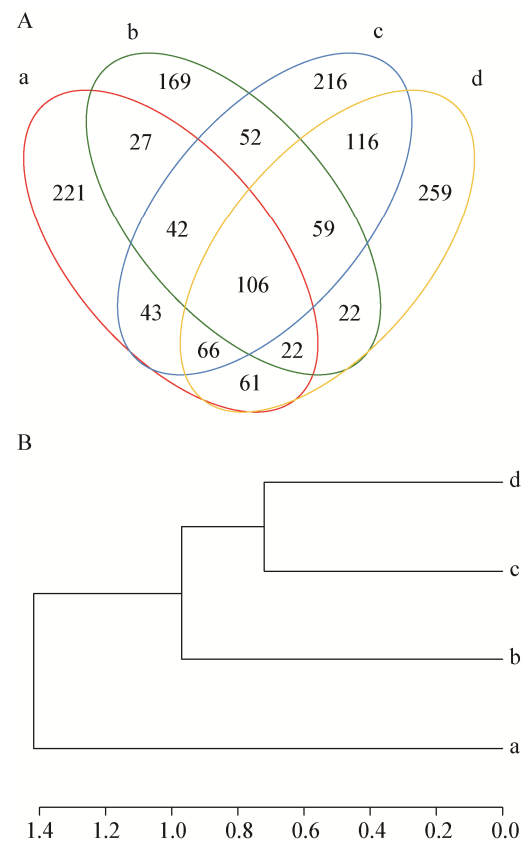


图 2 维恩图和多样品树状聚类图  
Figure 2 Venn diagram and multi sample cluster tree

表 2 沉积物真菌多样性参数

Table 2 Fungal diversity indexes of sediment

Sample No.	Reads	OTUs	Chao1 index	Shannon index	Simpson index
a	29 615	588	609	3.97	0.052 8
b	37 724	505	510	4.70	0.022 5
c	55 976	739	753	4.69	0.022 6
d	55 215	735	746	5.12	0.015 7

2.2.2 沉积物真菌门水平的多样性分析

由表 3 可知从门的多样性来看, 未分类真菌在沉积物样本中丰度较高, 平均丰度达 73.98%。4 个样本真菌分别分布于 6、5、4 和 5 个门, 从平均丰度看, 子囊菌门(*Ascomycota*, 23.09%)和担子菌门(*Basidiomycota*, 1.83%)是沉积物真菌的主要优势种类。子囊菌种类主要集中于 *Sordariomycetes*、*Dothideomycetes*、*Eurotiomycetes*、*Orbiliomycetes*、*Saccharomycetes* 等, 其中除 *Saccharomycetes* 外,

其他纲在样本 a 的丰度均小于 b、c、d。担子菌门种类主要集中于 *Agaricomycetes*、*Microbotryomycetes*、*Tremellomycetes*、*Cystobasidiomycetes*。

*Chytridiomycota* 壶菌门在样本 a、c 中丰度较高, 而 *Mucoromycota* 毛霉菌门在样本 b、d 中丰度较高。壶菌门种类主要集中于 *Chytridiomycetes* 壶菌纲和 *Monoblepharidomycetes*, 壶菌纲在样本 c 中丰度最大, 0.44%; *Monoblepharidomycetes* 在样本 a 中丰度最大, 达到 0.34%。*Mucoromycota* 毛霉菌

表 3 真菌门纲水平的多样性  
Table 3 Fungal diversity at phylum and class level

门 Phylum	纲 Class	丰度 Abundance (%)			
		a	b	c	d
子囊菌门 <i>Ascomycota</i>		3.93	36.18	26.59	25.67
	粪壳菌纲 <i>Sordariomycetes</i>	1.73	22.71	16.14	14.13
	座囊菌纲 <i>Dothideomycetes</i>	1.48	6.37	6.83	6.14
	散囊菌纲 <i>Eurotiomycetes</i>	0.45	4.44	0.43	2.63
	锤舌菌纲 <i>Leotiomycetes</i>	0.12	1.15	0.80	1.83
	盘菌纲 <i>Pezizomycetes</i>	0.01	0.64	2.31	0.65
	圆盘菌纲 <i>Orbiliomycetes</i>	0	0.53	0.04	0.03
	酵母纲 <i>Saccharomycetes</i>	0.13	0.06	0.02	0.17
	<i>Ascomycota_norank</i>	0.01	0.28	0.02	0.09
担子菌门 <i>Basidiomycota</i>		0.63	3.73	1.00	1.96
	伞菌纲 <i>Agaricomycetes</i>	0.43	2.76	0.85	0.70
	微球黑粉菌纲 <i>Microbotryomycetes</i>	0.05	0.55	0.01	0.63
	银耳纲 <i>Tremellomycetes</i>	0.12	0.35	0.14	0.59
	<i>Cystobasidiomycetes</i>	0.03	0.03	0.01	0.02
	<i>Malasseziomycetes</i>	0	0.04	0	0.02
壶菌门 <i>Chytridiomycota</i>		0.43	0.06	0.44	0.09
	壶菌纲 <i>Chytridiomycetes</i>	0.09	0.06	0.44	0.09
	<i>Monoblepharidomycetes</i>	0.34	0	0	0
毛霉菌门 <i>Mucoromycota</i>		0.04	0.82	0.00	2.37
	球囊菌纲 <i>Glomeromycetes</i>	0	0.51	0	0
	被孢霉纲 <i>Mortierellomycetes</i>	0.04	0.31	0	2.37
油壶菌门 <i>Olpidiomycota</i>	<i>Olpidiomycetes</i>	0.02	0	0	0
捕虫霉门 <i>Zoopagomycota</i>		0.02	0.01	0.03	0
	<i>Zoopagomycetes</i>	0	0.01	0.03	0
	<i>Zoopagomycota_norank</i>	0.02	0	0	0
芽枝霉门 <i>Blastocladiomycota</i>		0	0	0	0.07
	<i>Blastocladiomycetes</i>	0	0	0	0.02
	<i>Physodermatomycetes</i>	0	0	0	0.05
Unclassified		94.94	59.20	71.94	69.84

门种类主要集中于球囊菌纲(*Glomeromycetes*)和被孢霉纲(*Mortierellomycetes*),其中被孢霉纲在 d 样本中丰度最大,为 2.37%;球囊菌纲仅出现在 b 样本,主要为多孢囊霉目(*Diversisporales*),推测是驳岸挺水植物根系携带。

### 2.2.3 沉积物真菌属水平多样性分析

从属的多样性来看,除未分类真菌外, a、b、c、d 4 个样本的真菌分别分布于 128、113、97 和 155 个属。从平均丰度看,主要优势属为未分类真菌、柄孢壳属(*Zopfiella*) (4.61%)、韦斯特壳属(*Westerdykella*) (2.94%)、盾壳菌属(*Clypeosphaeria*) (1.32%)、土赤壳属(*Ilyonectria*) (1.26%)、顶孢霉属(*Paracremonium*) (1.13%)、曲霉属(*Aspergillus*) (1.05%)。

如图 3 所示,重污染区 a 样本优势类群 *Gonapodya*、*Zopfiella*、*Plectosphaerella*、*Cladosporium*、*Penicillium* 丰度较小,均在 0.24%–0.34%之间;而 b、c、d 样本中丰度比例大于 1% 的优势属数量均大于 5。*Zopfiella*、*Westerdykella*、*Clypeosphaeria* 在曝气处理区域样本 b、c 中丰度较高,分别为 7.87%、3.90%、3.95%和

9.50%、6.26%、1.21%,在样本 d 中丰度下降。样本 b 中 *Paracremonium* (4.45%)、*Tricholoma* (1.76%)、*Scedosporium* (1.60%)等优势真菌,以及样本 c 中 *Jugulospora* (2.28%)、*Chromelosporium* (2.19%)等同样在曝气处理区域丰度达到最大,随着 a–d 水体流动方向呈现先升高后降低的趋势。样本 d 中 *Ilyonectria* (4.72%)、*Mortierella* 被孢霉(2.37%)、*Epicoccum* 附球霉属(2.28%)等优势真菌则反之,在曝气处理区域丰度较小,在样本 a、d 中丰度相对较大。

### 2.2.4 环境因子对沉积物真菌的影响分析

经 SPSS 分析,在门、纲水平上,大部分优势种类的丰度与各环境因子相关性较弱,与其他学者的研究结论<sup>[3,15-16]</sup>一致,即沉积物理化参数对真菌群落丰度影响不显著。

通过 Chao1 指数、Shannon 指数等与不同外部环境因子的 Pearson 相关性分析(表 4),发现沉积物真菌 Chao1 指数与各指标均无显著相关性,真菌 Shannon 指数与水体 DO ( $P<0.01$ )极显著正相关,与沉积物有机质含量、全磷含量显著负相关( $P<0.05$ ),

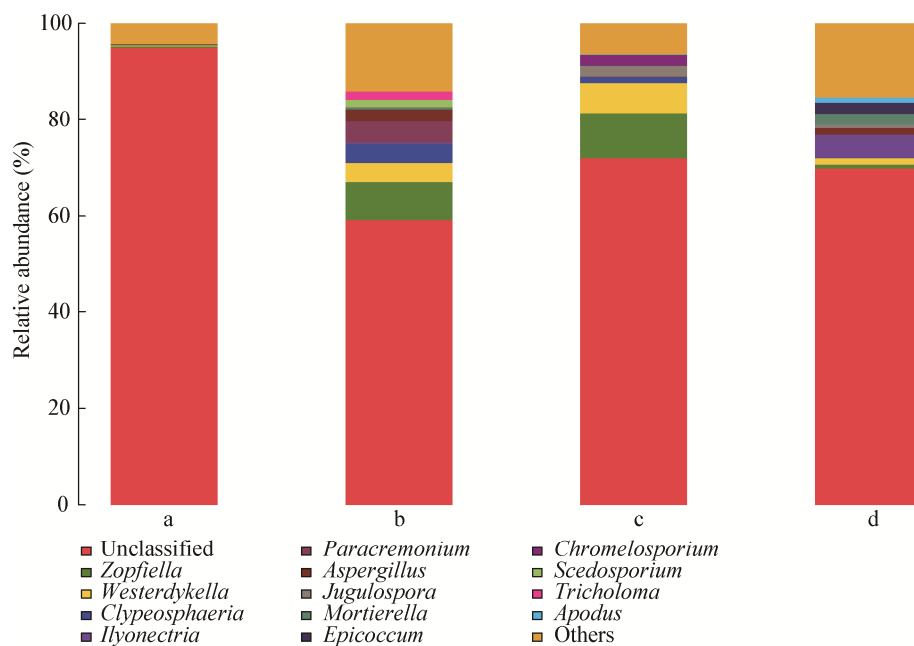


图 3 真菌属水平上的物种相对丰度柱形图

Figure 3 The fungal relative abundance histogram at the genus level



表 4 沉积物真菌与环境因子相关性分析

Table 4 Correlation analysis of fungus and environmental factors

Index	pH	COD	DO	TN	NH <sub>3</sub> -N	TP	Sediment organic matter	Total nitrogen in sediment	Total phosphorus in sediment
Chao 1	0.896	-0.848	0.461	-0.458	-0.338	-0.515	-0.426	-0.162	-0.644
Shannon	0.757	-0.814	0.991**	-0.934	-0.922	-0.931	-0.960*	-0.812	-0.965*
Simpson	-0.721	0.787	-0.988*	0.981*	0.986*	0.971*	0.994**	0.926	0.912

注：\*：在 0.05 水平(双侧)显著相关；\*\*：在 0.01 水平(双侧)显著相关。  
Note: \*: Significant correlation ( $P<0.05$ ); \*\*: Extremely significant correlation ( $P<0.01$ ).

Simpson 指数与水体 DO 显著负相关( $P<0.05$ )，与水体 TN、NH<sub>3</sub>-N、TP 显著相关( $P<0.05$ )，与沉积物有机质含量极显著正相关( $P<0.01$ )。表明水体溶解氧的下降和沉积物中有机污染物质的增加是导致 a 样本真菌多样性较低的主要原因，而在 b、c 区域污染拦截和曝气处理下，水体溶解氧浓度相对较高，真菌数量和多样性显著增加。

冗余分析结果表明(图 4)，沉积物环境因子共解

释 88.02%的物种变化，第 1 和第 2 排序轴分别贡献了 71.22%和 16.8%。总氮、有机质两个环境因子是导致样本真菌群落结构差异较大的原因，其中总氮的影响相对较大。*Zopfiella*、*Westerdykella*、*Jugulospora*、*Chromelosporium*、*Clypeosphaeria*、*Paracremonium* 等与沉积物有机质、全氮呈负相关，*Ilyonectria*、*Mortierella*、*Epicoccum* 与沉积物有机质、全氮呈正相关。

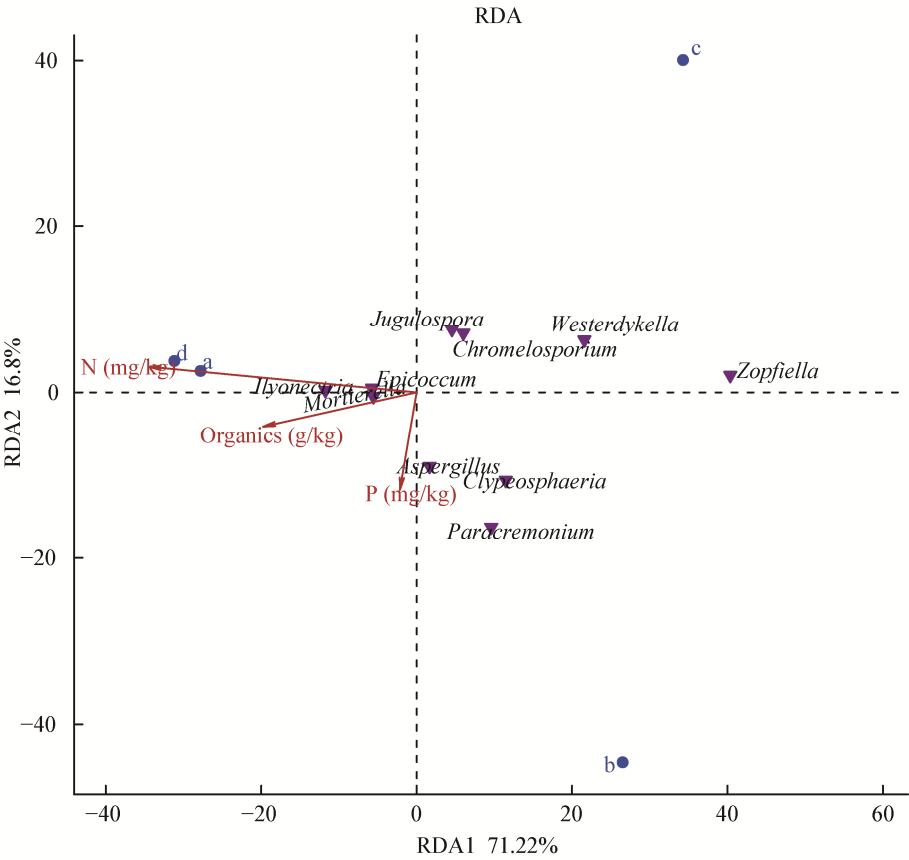


图 4 真菌群落与沉积物环境因子的 RDA 分析  
Figure 4 RDA analysis of fungi communities and sediment environmental factors

### 3 讨论与结论

随着有机污染物浓度降低, 各区域的沉积物真菌序列数、OTU 数和 Shannon 多样性指数均呈上升趋势, 表明高浓度有机污染导致沉积物真菌数量和群落多样性显著降低, 造成水环境生态系统失衡。未分类真菌、子囊菌门和担子菌门是该污染水体沉积物真菌群落中的主要优势种类, 与污染水体沙溪<sup>[1]</sup>以及太湖<sup>[3]</sup>、小清河<sup>[17]</sup>等未发生污染水体研究结论一致, 但与供水水库<sup>[4]</sup>、潮间带<sup>[18]</sup>等水体的研究结果不同。沉积物中主要优势属为 *Zopfiella*、*Westerdykella*、*Clypeosphaeria*、*Ilyonectria*、*Paracremonium*、*Aspergillus*。未知真菌在沉积物真菌群落中平均丰度达 73.98%, 与小叶章湿地<sup>[19]</sup>、纳帕海高原湿地<sup>[20]</sup>等研究中沼泽湿地土壤未知真菌丰度较高的结论一致, 表明湿地及水体沉积物中有较多尚未被分离鉴定的真菌种类。有关污染水体沉积物真菌研究更是少见报道, 这些未知真菌有待进一步深入研究。

环境因子与真菌多样性指数的相关性显示, Chao1 指数与水体及沉积物各成分指标均无显著相关性, Shannon 指数与水体 DO 极显著相关, 与沉积物有机质含量显著负相关, Simpson 指数与水体 TN、NH<sub>3</sub>-N、TP 显著相关。Chao1 指数主要用来估计物种总数, 与丰度、均匀度无关, 而 Shannon 与 Simpson 指数均为常用的反映  $\alpha$  多样性的指数。相关性分析结果表明, 污染区域沉积物有机质含量的增加和水体溶解氧的下降与真菌群落多样性变化之间存在显著或极显著的负相关影响, 但有机污染与 Chao1 指数相关性不显著, 反映出有机污染对真菌群落的主要影响在于增加或减少一些原有真菌种类的丰度, 而对物种总数的影响未达到显著性水平。这是由于生物界中已知的严格厌氧真菌种类较少<sup>[3]</sup>, 多数水生真菌进行分解代谢时需要消耗水中的溶解氧, 因此有机污染发生前期必然导致水体溶解氧下降。厌氧条件导致重度污染区沉积物 a 样本真菌数量显著降低, 且没有优势厌氧真菌出现。

相对丰度最大的属 *Gonapodya* 为壶菌门腐生水生真菌, 多分离于腐烂植物组织<sup>[21-23]</sup>, 与 a 区水体厌氧、沉水植物大量死亡、叶片腐烂的实际情况一致, *Gonapodya* 可能参与重度污染区植物残体分解和污染物沉降、沉积物中有机质含量增加的过程。因此沉积物真菌群落结构也反映出溶氧量对群落多样性的显著影响, 不同有机污染程度和不同溶解氧条件是导致各区域样本真菌群落结构和多样性差异的主要原因。高浓度有机污染导致水体溶解氧降低, 继而导致沉积物真菌多样性显著下降, 与已有研究结论<sup>[3,24]</sup>一致。

已有研究表明, 有机污染虽会导致微生物多样性下降, 但与此同时污染物分解相关功能菌会大量富集<sup>[5]</sup>。RDA 分析显示 *Zopfiella*、*Westerdykella*、*Jugulospora*、*Chromelosporium*、*Clypeosphaeria* 等腐生真菌与沉积物有机质、全氮呈负相关。其中 *Zopfiella* 多分离于粪便和土壤中, 研究发现是处理猪场污水发酵床的优势真菌<sup>[25]</sup>, *Westerdykella* 为中草药上层液体发酵优势真菌<sup>[26]</sup>, 因此上述真菌可能参与曝气处理区域沉积物兼氧条件下污染物的去除。*Ilyonectria*、*Mortierella*、*Epicoccum* 等为典型植物病原菌, 与沉积物有机质、全氮呈正相关, 可能主要参与水生生物残体分解、污染物的吸附沉降等过程。同时, 沉积物中未分类真菌可能也在有机污染物的吸附沉降等过程中发挥了作用。

### REFERENCES

- [1] Xie WF, Yang KX, Huang YJ, et al. The influence of polluted water on changes in the microorganic community of the Shaxi river[J]. Journal of Xiamen University (Natural Science), 2005, 44(2): 250-254 (in Chinese)  
谢文斐, 杨开勋, 黄耀坚, 等. 沙溪水污染对微生物群落变化的影响[J]. 厦门大学学报: 自然科学版, 2005, 44(2): 250-254
- [2] Zheng JW, Xing P, Yu DW, et al. Fungal community structure during the decomposition of various aquatic plant litters[J]. Chinese Journal of Ecology, 2013, 32(2): 368-374 (in Chinese)  
郑九文, 邢鹏, 余多慰, 等. 不同水生植物残体分解过程中真菌群落结构[J]. 生态学杂志, 2013, 32(2): 368-374



- [3] Xuan HX, An SQ, Sun QY, et al. Diversity of aquatic fungi in different areas of Lake Taihu[J]. Journal of Lake Science, 2011, 23(3): 469-478 (in Chinese)  
宣淮翔, 安树青, 孙庆业, 等. 太湖不同湖区水生真菌多样性[J]. 湖泊科学, 2011, 23(3): 469-478
- [4] Zhang HH, Huang TL, Chen SN. Ignored sediment fungal populations in water supply reservoirs are revealed by quantitative PCR and 454 pyrosequencing[J]. BMC Microbiology, 2015, 15: 44
- [5] Zhao YG, Ren NQ, Wang AJ, et al. Influence of organic pollutants on the bacterial community in Songhua River drainage area[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2007, 47(2): 313-318 (in Chinese)  
赵阳国, 任南琪, 王爱杰, 等. 有机污染物对水体真细菌群落结构的影响[J]. 微生物学报, 2007, 47(2): 313-318
- [6] Zhong JC, Liu GF, Fan CX, et al. Environmental effect of sediment dredging in lake: IV. Influences of dredging on microbial activity and functional diversity of microbial community in sediments and its significance[J]. Journal of Lake Science, 2010, 22(1): 21-28 (in Chinese)  
钟继承, 刘国锋, 范成新, 等. 湖泊底泥疏浚环境效应: IV. 对沉积物微生物活性与群落功能多样性的影响及其意义[J]. 湖泊科学, 2010, 22(1): 21-28
- [7] Wu L, Qin HY, Zhu MY, et al. Distribution characteristics and controlling factors of nitrifying microorganisms in freshwater and sediment of eutrophic zones in Lake Taihu in autumn[J]. Journal of Lake Science, 2017, 29(6): 1312-1323 (in Chinese)  
吴玲, 秦红益, 朱梦圆, 等. 太湖富营养化湖区秋季水体和沉积物中硝化微生物分布特征及控制因素[J]. 湖泊科学, 2017, 29(6): 1312-1323
- [8] Peng L, Zhao JW, Zhang Y, et al. Seasonal variation of bacterial community in sediments of urban eutrophic lakes[J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2015, 21(6): 1012-1018 (in Chinese)  
彭磊, 赵建伟, 张钰, 等. 城市富营养化湖泊沉积物微生物多样性季节变化[J]. 应用与环境生物学报, 2015, 21(6): 1012-1018
- [9] Wang P, Lu SY, Wang DW, et al. Nitrogen, phosphorous and organic matter spatial distribution characteristics and their pollution status evaluation of sediments nutrients in lakeside zones of Taihu Lake[J]. China Environmental Science, 2012, 32(4): 703-709 (in Chinese)  
王佩, 卢少勇, 王殿武, 等. 太湖湖滨带底泥氮、磷、有机质分布与污染评价[J]. 中国环境科学, 2012, 32(4): 703-709
- [10] Nicholson MJ, McSweeney CS, Mackie RI, et al. Diversity of anaerobic gut fungal populations analysed using ribosomal ITS1 sequences in faeces of wild and domesticated herbivores[J]. Anaerobe, 2010, 16(2): 66-73
- [11] Wang Y, Liu MK, Miao XC, et al. Effect of urban water supply system on fungi population and community structure[J]. Microbiology China, 2019, 46(1): 20-28 (in Chinese)  
王钰, 刘明坤, 苗小草, 等. 城市供水系统对水中真菌数量和群落结构的影响[J]. 微生物学通报, 2019, 46(1): 20-28
- [12] Wang Y, Sheng HF, He Y, et al. Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of Illumina tags[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, 78(23): 8264-8271
- [13] Fouts DE, Szpakowski S, Purushe J, et al. Next generation sequencing to define prokaryotic and fungal diversity in the bovine rumen[J]. PLoS One, 2012, 7(11): e48289
- [14] Jami E, Israel A, Kotser A, et al. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood[J]. The ISME Journal, 2013, 7(6): 1069-1079
- [15] Guo QL, Liu KH, Ding XW, et al. Preliminary investigation of diversity and functional enzymes of fungi from Erdos a Paleo Salt Lake in Inner Mongolia[J]. Microbiology China, 2014, 41(8): 1547-1555 (in Chinese)  
郭庆兰, 刘开辉, 丁小维, 等. 内蒙古鄂尔多斯一古盐湖真菌多样性及其功能酶的初步筛选[J]. 微生物学通报, 2014, 41(8): 1547-1555
- [16] Wang P, Xiao HY, Yuan RQ, et al. Fungal community in the estuarine sediment of Poyang Lake[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2018, 38(5): 1949-1956 (in Chinese)  
王鹏, 肖汉玉, 袁瑞强, 等. 鄱阳湖入湖河口沉积物真菌群落结构[J]. 环境科学学报, 2018, 38(5): 1949-1956
- [17] Yu SX, Pang YL, Wang YC, et al. Spatial variation of microbial communities in sediments along the environmental gradients from Xiaoqing River to Laizhou Bay[J]. Marine Pollution Bulletin, 2017, 120(1/2): 90-98
- [18] Li W, Wang MM, Bian XM, et al. A high-level fungal diversity in the intertidal sediment of Chinese seas presents the spatial variation of community composition[J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 2098
- [19] Lu M, Sun XY, Tian K, et al. Characteristics of soil fungal community structure at different degraded stages in Napahai Plateau Wetland of northwestern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2018, 40(3): 55-65 (in Chinese)  
陆梅, 孙向阳, 田昆, 等. 纳帕海高原湿地不同退化阶段土壤真菌群落结构特征[J]. 北京林业大学学报, 2018, 40(3): 55-65
- [20] Sui X, Zhang RT, Xu N, et al. Fungal community structure of different degeneration *Deyeuxia angustifolia* wetlands in Sanjiang Plain[J]. Environmental Science, 2016, 37(9): 2016-2024

- 3598-3605 (in Chinese)  
隋心, 张荣涛, 许楠, 等. 三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化[J]. 环境科学, 2016, 37(9): 3598-3605
- [21] John R. Studies in the Indian aquatic fungi[J]. Proceedings of the Indian Academy of Sciences - Section B, 1959, 50(5): 259-266
- [22] Karling JS. Zoospore fungi of Oceania. VII. Fusions in rhizophlyctis[J]. American Journal of Botany, 1969, 56(2): 211-221
- [23] Gandhe RV, Kurne A. Studies on reproduction in *Gonapodya* species[J]. Zoos' Print Journal, 2005, 20(11): 2059-2061
- [24] Medeiros AO, Pascoal C, Graca MAS. Diversity and activity of aquatic fungi under low oxygen conditions[J]. Freshwater Biology, 2009, 54(1): 142-149
- [25] Tang YH, Ji JY, Qi Z, et al. Study on microbial diversity of a new piggery fermentation bed sewage treatment system[J]. Acta Ecologiae Animalis Domastici, 2019, 40(2): 69-74 (in Chinese)  
唐艳华, 纪佳雨, 漆招, 等. 处理猪场污水的新型发酵床微生物多样性研究[J]. 家畜生态学报, 2019, 40(2): 69-74
- [26] Yuan XG, Ye Y, Zhao JY, et al. Fungal community diversity changes of Lianzhifan solution during fermentation process by high-throughput sequence technology[J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 2018, 49(18): 4259-4268 (in Chinese)  
袁学刚, 叶羊, 赵甲元, 等. 基于高通量测序分析连栀矾溶液发酵炮制过程中真菌菌群多样性变化[J]. 中草药, 2018, 49(18): 4259-4268

**编辑部公告****邀请您关注《微生物学通报》公众微信号**

为了更好地与读者、作者、审稿专家和编委朋友们及时沟通、方便服务,《微生物学通报》已开通公众微信服务号。作者通过微信能及时收到稿件各流程通知,第一时间了解稿件进程并及时处理;审稿专家和编委可通过微信及时收到审稿邀请,还可通过手机审稿;读者通过微信可了解《微生物学通报》文章目录,查找阅读感兴趣的文章。

**关注办法:**

- 1、在微信公众号搜索“微生物学通报”或“wswxtb”;
- 2、用微信扫右边二维码:

