赵增锋,邱小琮,尹 娟,等.宁夏清水河不同生境真菌群落结构、多样性及其影响因素 [J]. 中国环境科学, 2025,45(8):4563-4572.
Zhao Z F, Qiu X C, Yin J, et al. Fungal community structure, diversity and its influencing factors in different habitats of Qingshui River in Ningxia [J]. China Environmental Science, 2025,45(8):4563-4572.

宁夏清水河不同生境真菌群落结构、多样性及其影响因素

赵增锋[1],邱小琮[2*],尹 娟[1*],杨强强[1],徐 程[1],侯洪飞[1],王 凯[1],倪 成[1] (1.宁夏大学土木与水利工程学院,宁夏 银川 750021；2.宁夏大学生命科学学院,宁夏 银川 750021)

摘要：为揭示宁夏清水河地表水、沉积物及河岸带土壤 3 种生境中的真菌群落结构、多样性及其影响因素,2022 年在清水河设置了 22 个采样点.采样时间涵盖平水期(5 月)、丰水期(7 月)和枯水期(12 月),采用高通量测序技术,并结合环境因子检测与多元统计分析方法进行研究.结果显示:总体上地表水中的真菌 α 多样性低于沉积物,但群落结构对水期的响应更为敏感,而沉积物与河岸带土壤中的真菌群落相似性较高.优势门类包括壶菌门(Chytridiomycota)、子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota),未明确鉴定属(*Fungi_gen_Incertae_sedis*)、镰刀菌属(*Fusarium*)为关键优势属.地表水的水温(WT)、pH 值、碳酸氢根(HCO_3^-)和钙离子(Ca^{2+}),沉积物的 pH 值、电导率(EC)、速效钾(AK)、总磷(TP)和间隙水的 pH 值、总溶解性固体(TDS)、氨氮(NH_3-N),河岸带土壤的水溶态氟(Ws-F)、可交换性钙(Ex-Ca)、总氮(TN)、TP 等对真菌群落影响显著.真菌指示类群的变化反映不同水期的环境特征:平水期表现为农业面源污染富集,丰水期指示有机污染物迁移,枯水期则与难降解有机物的积累以及高盐碱环境相关.

关键词：清水河；真菌；群落结构；多样性；影响因素
中图分类号：X522 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2025)08-4563-10

Fungal community structure, diversity and its influencing factors in different habitats of Qingshui River in Ningxia.

ZHAO Zeng-feng[1], QIU Xiao-cong[2*], YIN Juan[1*], YANG Qiang-qiang[1], XU Cheng[1], HOU Hong-fei[1], WANG Kai[1], NI Cheng[1] (1.School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan 750021, China；2.School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan 750021, China). *China Environmental Science*, 2025,45(8)：4563~4572

Abstract：To investigate the fungal community structure, diversity, and influencing factors in three habitats (surface water, sediment, and riparian soil) of the Qingshui River in Ningxia, 22 sampling sites were established along the river in 2022. Sampling was conducted during the three hydrological periods: the normal period (May), the wet season (July), and the dry season (December). High-throughput sequencing technology was employed in conjunction with environmental factor measurements and multivariate statistical analyses. The results showed that the α-diversity of fungi in surface water was lower than that in sediment. However, the community structure in surface water was more sensitive to hydrological periods. In contrast, the fungal communities in sediment and riparian soil showed higher similarity. The dominant phyla were Chytridiomycota, Ascomycota, and Basidiomycota, and *Fungi_gen_Incertae_sedis* and *Fusarium* were identified as the key dominant genera. Water temperature (WT), pH value, bicarbonate (HCO_3^-) and calcium (Ca^{2+}) in surface water, pH value, conductivity (EC), available potassium (AK), total phosphorus (TP) in sediments, pH value, total dissolved solids (TDS), ammonia nitrogen (NH_3-N) in interstitial water, water-soluble fluorine (Ws-F), exchangeable calcium (Ex-Ca), total nitrogen (TN), TP in riparian soil had significant effects on fungal community. The changes of fungal indicator groups reflected the environmental characteristics of different hydrological periods: the accumulation of agricultural non-point source pollution in the normal period, the migration of organic pollutants in the wet season, and the accumulation of refractory organics and high saline-alkali environment in the dry season.

Key words：Qingshui River；fungi；community structure；diversity；influencing factor

真菌在水生生态系统中可作为分解者参与有机物的分解和代谢,同时在能量流动和营养物质的循环和转换中扮演着重要角色[1-2].作为水生生态系统中的分解者,真菌能够通过胞外酶等形式分解和代谢环境中的有机物质并释放营养和次级代谢产物,从而以不同方式影响着水生生态系统的食物网结构、物质和能量流动[3].除此之外,真菌也可通过自身的群落组成和多样性快速响应外界环境变化[4].然而相比于细菌,真菌在淡水生态系统中常被忽视,这一现象在河流中最为明显.目前关于河流真菌的

收稿日期：2025-01-13
基金项目：宁夏自然科学基金重点项目(2023AAC02026);宁夏高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2021A03)
* 责任作者，教授, qiu_xc@nxu.edu.cn, yj7175@126.com

研究主要集中在水体或沉积物单一生境,或者水体和沉积物两种生境[5-6],针对河流生态系统中三种生境(水体、沉积物和河岸带土壤)真菌的研究较为有限,尤其是关于黄河流域真菌群落的相关研究尚不充分,现有研究普遍关注于黄河三角洲土壤[7-8]或黄河源头淡水湖沉积物真菌[9].清水河作为黄河流域宁夏段最重要的支流,也是黄河流域宁夏段受氟污染最严重的水系之一,目前还缺乏其 3 种生境(水体、沉积物和河岸带土壤)真菌群落的认识.

分析河流生态系统不同生境的真菌群落结构和多样性,探讨水期变化与环境因子对真菌群落的影响,对于深入了解河流生态环境及采取相应措施解决河流污染问题具有重要意义[10].本文以黄河流域宁夏段典型支流清水河为研究区,目标是分析该河流生态系统中 3 种生境的真菌群落结构及其多样性在不同水期的分布特征和差异;识别影响该流域真菌群落结构和多样性的影响因子,探讨水期变化与环境因子的影响机制;确定该流域指示真菌物种并分析指示意义.通过研究黄河代表性支流清水河水体、沉积物和河岸带土壤中的真菌群落,加深了对黄河流域微生物的认识.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

清水河流域地理坐标为 105°00′E~107°07′E,35°36′N~37°37′N,地处温带半干旱气候区,区域气温由北向南递减,呈南寒北暖、南湿北干的特点[11].南部地区属暖温带半湿润区,中部属中温带半干旱区,北部为中温带干旱区.

1.2 样品采集与预处理

清水河采样点位置如图 1 所示.根据清水河水文规律和支流分布情况,在清水河流域设置 22 个采样点位,采样时间为 2022 年平水期(5 月)、丰水期(7 月)和枯水期(12 月).水体和沉积物采集方法参照相关文献[11-12].除此之外,采集河岸带表层土壤(0~20cm)与表层沉积物间隙水,间隙水采用自制的间隙水采集装置挤压获得.同一个样点的样品采集时均采集多份进行均匀混合,水样、沉积物和河岸带土壤各分成两份,一份用于检测理化指标,一份用于真菌 ITS 高通量测序.

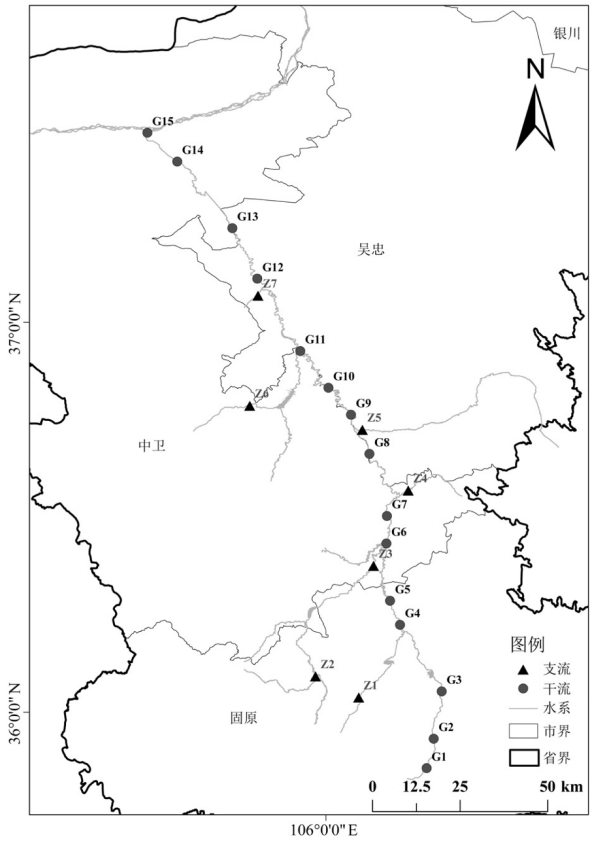


图 1 清水河流域采样点分布

Fig.1 Distribution of sampling points in Qingshui River Basin

1.3 环境因子的测定

理化因子检测的指标较多,因此基于方差膨胀系数(variance inflation factor,VIF)进行理化因子筛选,只描述 VIF<5 的指标.其中,采用 YSI(Pro-plus)便携式水质分析仪现场测定地表水水温(WT)、溶氧(DO)、氯离子(Cl^-),在实验室检测间隙水电导率(EC)、总溶解性固体(TDS).水体中的:pH 值、氟离子(F^-)、总氮(TN)、总磷(TP)、氨氮(NH_3-N)、碳酸氢根离子(HCO_3^-)、钠离子(Na^+)、钙离子(Ca^{2+})和镁离子(Mg^{2+}),沉积物中的:pH 值、EC、TN、TP、铵态氮(NH_4^+-N)、速效钾(AK)、有机质(SOM)、交换性镁(Ex-Mg)和水溶态氟(Ws-F),河岸带土壤中的:pH 值、Ws-F、可交换态氟(Ex-F)、NH_4^+-N、AK、SOM、Ex-Ca、TN 和 TP,除 Ws-F 和 Ex-F 参照李明珠等[13]和张博等[14]的研究外,均参照相关的检测标准.其中,pH 值无量纲,WT 以 ℃ 测量,EC 以μs/cm 测量,水中其他理化因子以 mg/L 测量,沉积物或河带岸土壤中的 TN 和 TP 以 g/kg 测量,其他理化因子以 mg/kg 测量.

1.4 ITS 高通量测序

使用 NucleoSpin 96soi 提取总 DNA,并通过琼脂

糖凝胶电泳检测其纯度和浓度.将 DNA 稀释至 1ng/μl,并使用 ITS5−1737F(5′−GGAAGTAAAAGT−CGTAACAAGG−3′)和 ITS2−2043R(5′−GCTGCGT−TCTTCATCGATGC−3′)扩增真菌 rDNA 的 ITS1 区域,随后进行 PCR 和琼脂糖凝胶电泳检测.利用 Qiagen 胶回收试剂盒回收目的条带,构建文库并通过 NovaSeq6000 测序.测序后,应用 QIIME2 的 DADA2 模块对数据进行质控和降噪,获得 ASVs,并使用 classify−sklearn 模块与 UNITEv8.2 数据库比对以获取物种信息.测序和注释由北京诺禾致源生物科技有限公司完成.

1.5　数据分析与绘图

使用 QIIME2 软件计算真菌的 α 多样性指数(Chao1、ASV、Pielou_e 和 Shannon),在诺禾云平台(https://magic.novogene.com/)对丰度前 35 的属进行物种丰度聚类分析,并进行 ASV、属和门水平的 Mantel−test 分析.理化因子和真菌 α 多样性指数的组间差异分析在派诺森基因云平台进行(https://www.genescloud.cn/chart/ChartOverview), 采用 Kruskal−Wallis 检验和 Dunn's test 进行显著性分析.

门水平真菌群落结构柱状图采用 Origin2021 绘制,在所有图中:WNS 表示地表水平水期,WWS 表示地表水丰水期,WDS 表示地表水枯水期;JXNS 表示间隙水平水期,JXWS 表示间隙水丰水期,JXDS 表示间隙水枯水期;SNS 表示沉积物平水期,SWS 表示沉积物丰水期,SDS 表示沉积物枯水期;SONS 表示土壤平水期,SOWS 表示土壤丰水期,SODS 表示土壤枯水期.

2　结果与分析

2.1　清水河 3 种生境理化因子分析

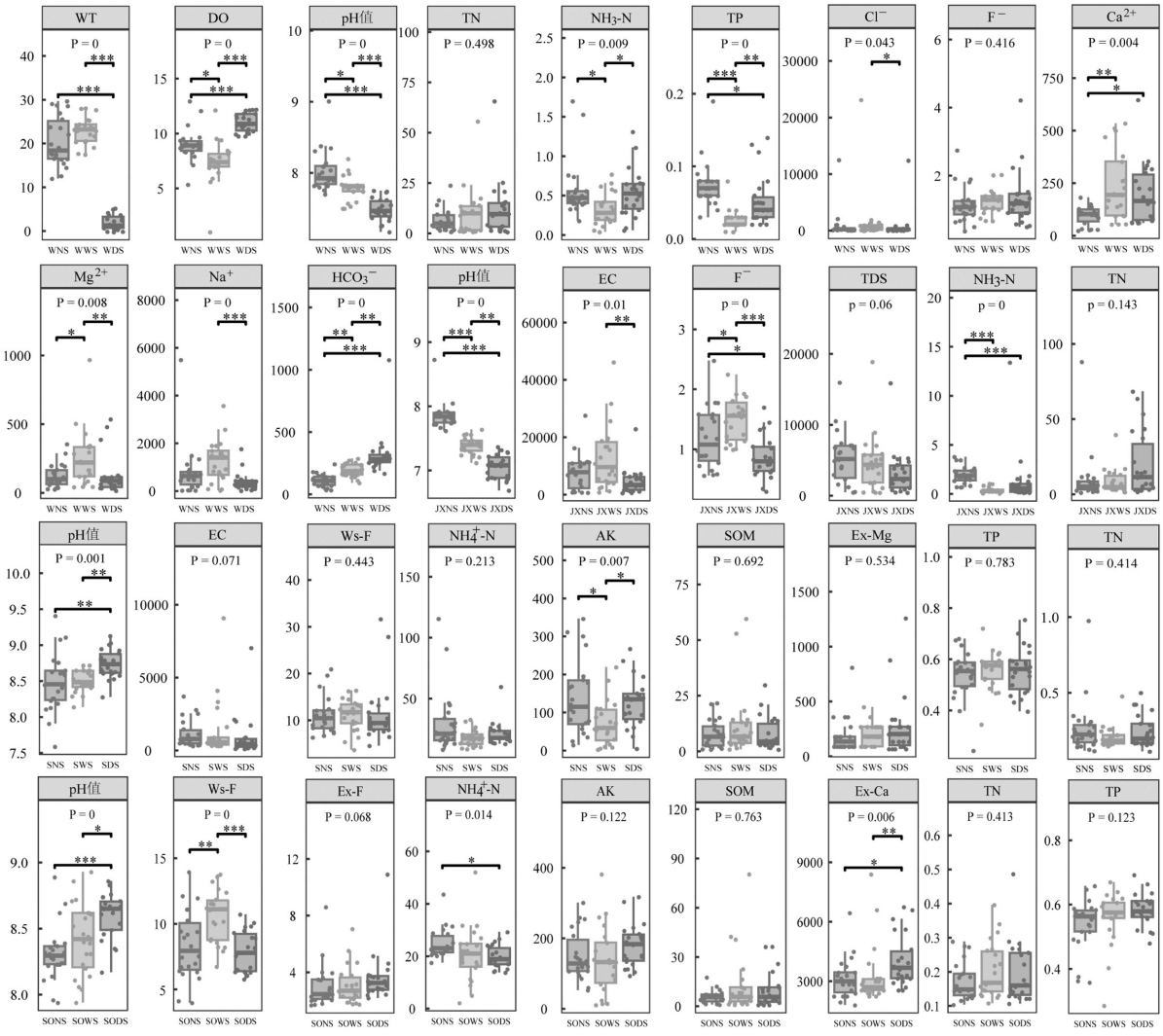


图 2　清水河 3 种生境理化因子箱线图

Fig.2　Boxplot of physicochemical factors in three habitats of the Qingshui River

清水河不同水期理化因子箱线图如图 2 所示.地表水中除 TN、F^-外均表现出显著的差异,其中 WT、DO、pH 值、TP、HCO_3^-的差异最为显著.沉积物和河岸带土壤中具有显著差异的因子较少,沉积物中只有 pH 值、AK,河岸带土壤中只有 pH 值、Ws-F、NH_4^+-N、Ex-Ca 在部分水期间存在差异.间隙水中具有显著差异的较多,pH 值、F^-、NH_3-N 在多数水期间均存在较大差异.

2.2 清水河 3 种生境真菌 α 多样性分析

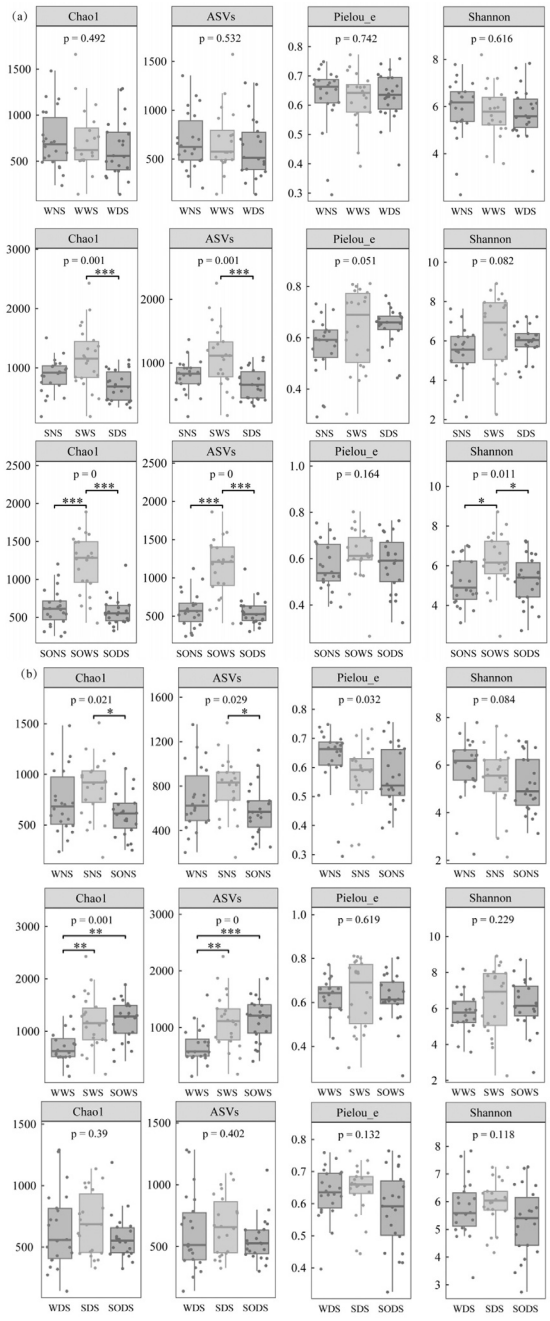


图 3 清水河真菌 α 多样性指数箱线图

Fig.3 Boxplot of alpha diversity indices of fungi in the Qingshui River

清水河真菌 α 多样性指数(Chao1、ASV、Pielou_e、Shannon)如图 3 所示.图 3(a)可知,真菌 α 多样性指数在水体中的差异不大,总体表现为平水期>丰水期>枯水期;在沉积物中均为丰水期最大,其中 Chao1、ASV 指数丰水期显著高于枯水期;在土壤中差异最大,Chao1、ASV、Shannon 指数均表现为丰水期显著高于平水期和枯水期.图 3(b)可知,平水期沉积物的 Chao1、ASV 指数显著高于土壤,丰水期沉积物和土壤的 Chao1、ASV 指数显著高于水体,枯水期 3 种生境的 α 多样性指数没有明显差异.

2.3 清水河 3 种生境门水平真菌群落结构

清水河共鉴定出真菌 19 门、73 纲、191 目、498 科、1307 属、2458 种.在门和属水平上研究了真菌的结构组成,如图 4 所示,6 个优势门的丰度总和分别占据水体、沉积物和土壤真菌总丰度的 10%、50%和 60%以上.9 个分组中共有优势菌门(相对丰度>1%)只有壶菌门(Chytridiomycota).子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)虽然在所有样本中的平均丰度达到 30%和 5%,但在平水期水体中的丰度却不超过 1%,平水期水体中相对丰度较大的真菌门是 Fungi_phy_Incertae_sedis. 除此之外,壶菌门(Chytridiomycota)在水体枯水期、罗兹菌门(Rozellomycota)在沉积物 3 个水期、被孢霉门(Mortierellomycota)在土壤 3 个水期具有较高的丰度.

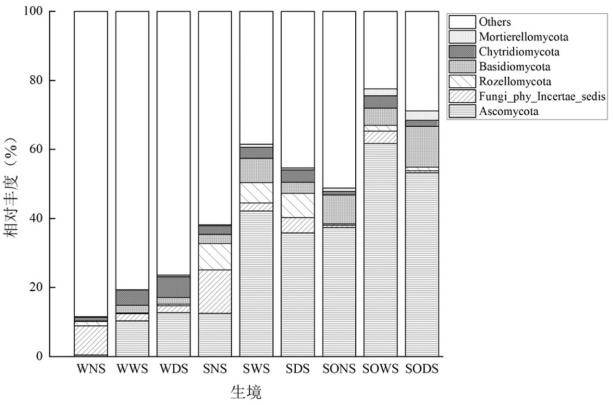


图 4 清水河真菌门水平群落柱状图

Fig.4 Fungi phylum-level community histogram of Qingshui River

2.4 清水河 3 种生境属水平真菌群落结构

属水平真菌群落结构如图 5 所示,35 个属隶属于 6 个门,其中主要隶属于子囊菌门(Ascomycota,22 个)和担子菌门(Basidiomycota,8 个).35 个属占据沉积物和

河岸带土壤真菌总丰度的 30%以上,但仅占据水体真菌总丰度的 10%以上,表明水体真菌群落的复杂性.水体在丰水期、沉积物在平水期、土壤在枯水期与其他水期真菌群落结构差异较大,不同生境间的聚类差异更为明显.平、丰、枯 3 个水期优势属数目水体分别为 2、4、5 个,沉积物分别为 4、8、9 个,土壤分别为 9、13、11 个,表明水体真菌群落分布更加均匀.

Fungi_gen_Incertae_sedis 在水体和沉积物不同水期的丰度均超过 2%,镰刀菌属(*Fusarium*)的丰度在沉积物丰、枯水期,土壤 3 个水期均超过 2%,尤其沉积物丰水期和土壤的丰、枯水期分别达到了 7.40%、9.15%和 7.32%.除此之外,*Rozellomycota_gen_Incertae_sedis* 在沉积物 3 个水期具有较高的丰度,链格孢菌属(*Alternaria*)、鬼伞属(*Coprinus*)等在土壤 3 个水期具有较高的丰度.

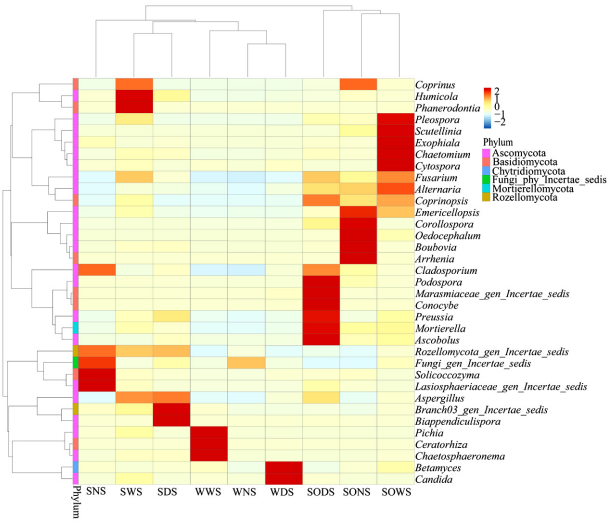


图 5　清水河真菌属水平群落聚类热图

Fig.5　Cluster heat map of fungal community at genus level in Qingshui River

2.5　清水河 3 种生境真菌群落结构差异

清水河 3 种生境真菌群落结构差异如图 6 所示(LDA>4.0).图 6(a)可知,在门和属水平上的指示类群,水体中:平水期均为未分类的物种,丰水期隶属于担子菌门(Basidiomycota)、*Chaetosphaeronema* 属,枯水期隶属于子囊菌门(Ascomycota)、假丝酵母菌属(*Candida*).

图 6(b)可知,沉积物中:平水期为隶属于罗兹菌门(Rozellomycota)、毛霉菌门(Mucoromycota)、分枝孢子霉属(*Cladosporium*)和未分类的物种,丰水期隶属于子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、镰刀菌属(*Fusarium*),枯水期隶属于 *Biappendiculispora*、曲霉菌属(*Aspergillus*).

图 6(c)可知,土壤中:平水期隶属于 *Arrhenia*、珠头霉属(*Oedocephalum*),丰水期隶属于子囊菌门(Ascomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、镰刀菌属(*Fusarium*)、格孢腔菌属(*Pleospora*),枯水期隶属于分枝孢子霉属(*Cladosporium*)、曲霉菌属(*Aspergillus*).

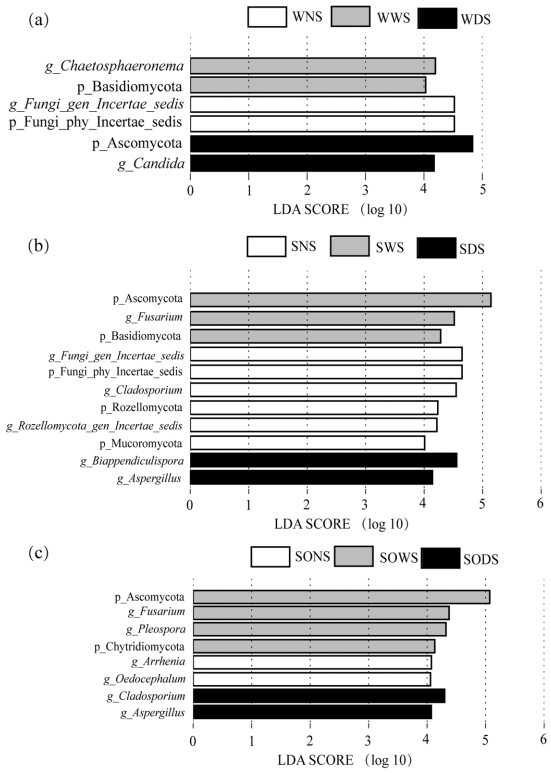


图 6　清水河真菌群落差异

Fig.6　Differences in fungal communities in the Qingshui River

2.6　清水河 3 种生境真菌群落多样性影响因素分析

由图 7(a)可知,Ca^{2+} 与 Shannon 指数,F^- 与 Pielou_e、Shannon 指数呈显著(P<0.05,n=66)或极显著(P<0.01,n=66)负相关,Cl^- 与 Chao1 指数呈显著(P<0.05,n=66)正相关.由图 7(b)可知,间隙水 TDS 与 ASV、Pielou_e、Shannon 指数呈显著(P<0.05,n=66)或极显著(P<0.01,n=66)负相关,pH 值与 Chao1 指数呈显著(P<0.05,n=66)正相关;沉积物 TP 与 Chao1、ASV 指数呈显著(P<0.05,n=66)正相关,AK 与 Chao1、ASV、Shannon 指数,EC 与 Pielou_e、Shannon 指数,pH 值与 Chao1、ASV 指数呈显著(P<0.05,n=66)

或极显著(P<0.01,n=66)负相关.由图 7(c)可知,TN、TP 与所有 α 多样性指数,Ws-F 与 Chao1、ASV、Shannon 指数呈显著(P<0.05,n=66)或极显著(P<0.01,n=66)正相关,Ex-Ca 与 Chao1、ASV 指数呈极显著(P<0.01,n=66)负相关.

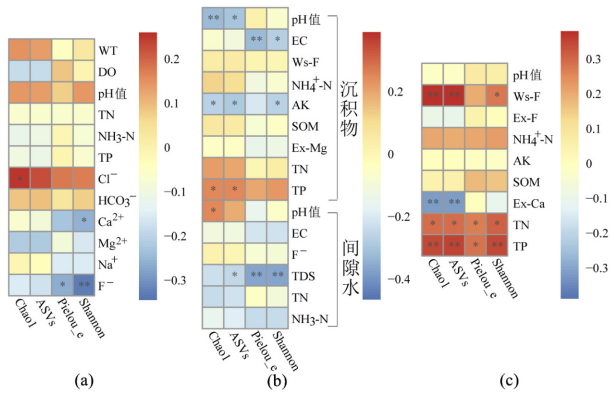


图 7 清水河真菌 α 多样性指数与理化因子相关分析

Fig.7 Correlation analysis between fungal alpha diversity indices and physicochemical factors in the Qingshui River

2.7 清水河 3 种生境真菌群落结构影响因素分析

WT、DO、pH 值、TN、TP、Cl^-、HCO_3^-、Ca^{2+}、Mg^{2+}、Na^+共 10 种环境胁迫因子显著(P<0.05,n=66)调控了清水河水体真菌群落结构(表 1),其中 WT 和 HCO_3^-影响最大,在 ASV、属和门水平上均达到极显著水平(P<0.01,n=66).

沉积物 EC、NH_4^+-N、AK、Ex-Mg、TN、TP 和间隙水 pH 值、EC、TDS、NH_3-N 在不同分类水平上显著(P<0.05,n=66)调控了沉积物真菌群落结构(表 2),其中间隙水理化因子比沉积物理化因子对沉积物真菌群落结构的影响更大.间隙水 pH 值和 NH_3-N 影响最大,在 ASV、属和门水平上均达到极显著水平(P<0.01,n=66).

土壤理化因子中只有 TN 在 ASV 水平上显著(P<0.05,n=66)调控了河岸带土壤真菌群落结构(表 3),表明河岸带土壤真菌群落结构的主要调控因素不是理化因子.

表 1 清水河水体真菌与理化因子 Mantel-test 分析

Table 1 Mantel-test analysis of the relationship between fungi and physicochemical factors in water of Qingshui River

分类		WT	DO	pH 值	TN	NH_3-N	TP	Cl^-	HCO_3^-	Ca^{2+}	Mg^{2+}	Na^+	F^-
ASV	r	0.580	0.347	0.284	0.0581	0.0139	0.132	0.093	0.264	0.149	0.126	0.134	0.027
	P	**0.001**	**0.001**	**0.001**	0.066	0.351	**0.003**	**0.022**	**0.001**	**0.001**	**0.003**	**0.003**	0.264
属	r	0.206	0.174	0.157	0.129	0.013	0.087	0.036	0.130	0.253	0.155	0.008	0.0163
	P	**0.001**	**0.002**	**0.018**	**0.028**	0.579	0.113	0.309	**0.008**	**0.001**	**0.018**	0.425	0.396
门	r	0.106	0.069	0.169	0.114	0.020	0.107	0.012	0.155	0.139	0.014	0.090	0.062
	P	**0.002**	0.053	**0.001**	**0.015**	0.643	**0.020**	0.561	**0.001**	**0.015**	0.390	0.956	0.127

表 2 清水河沉积物真菌与沉积物、间隙水理化因子 Mantel-test 分析

Table 2 Mantel-test analysis of the relationship between sediment fungi and physicochemical factors of sediments and interstitial water in the Qingshui River

分类		沉积物理化因子									间隙水理化因子					
		pH 值	EC	Ws-F	NH_4^+-N	AK	SOM	Ex-Mg	TN	TP	pH 值	EC	F^-	TDS	TN	NH_3-N
ASV	r	0.040	0.199	0.005	0.022	0.064	0.001	0.031	0.064	0.018	0.245	0.225	0.044	0.078	0.023	0.246
	P	0.206	**0.002**	0.466	0.331	0.071	0.461	0.228	0.151	0.340	**0.001**	**0.001**	0.108	**0.050**	0.310	**0.001**
属	r	0.036	0.154	0.031	0.022	0.082	0.018	0.096	0.085	0.115	0.189	0.109	0.019	0.022	0.034	0.243
	P	0.257	**0.006**	0.720	0.353	0.062	0.345	**0.050**	0.072	**0.022**	**0.001**	**0.037**	0.297	0.304	0.698	**0.001**
门	r	0.066	0.098	0.011	0.150	0.087	0.012	0.002	0.122	0.091	0.250	0.020	0.013	0.034	0.017	0.343
	P	0.091	0.051	0.376	**0.012**	**0.033**	0.578	0.499	**0.015**	**0.039**	**0.001**	0.329	0.305	0.198	0.575	**0.001**

表 3 清水河河岸带土壤真菌与理化因子 Mantel-test 分析

Table 3 Mantel-test analysis of the relationship between fungi and physicochemical factors in the riparian soil of the Qingshui River

分类		pH 值	Ws-F	Ex-F	NH_4^+-N	AK	SOM	Ex-Ca	TN	TP
ASV	r	0.024	0.072	0.012	0.089	0.080	0.012	0.039	0.125	0.005
	P	0.681	0.933	0.554	0.925	0.910	0.543	0.713	**0.019**	0.480
属	r	0.061	0.106	0.042	0.112	0.067	0.009	0.008	0.084	0.045
	P	0.916	0.994	0.730	0.964	0.889	0.533	0.531	0.077	0.255
门	r	0.041	0.009	0.106	0.049	0.092	0.074	0.060	0.014	0.044
	P	0.803	0.383	0.980	0.203	0.968	0.872	0.803	0.573	0.238

3　讨论

3.1　清水河真菌群落结构和多样性变化及其影响因素

清水河水体真菌 α 多样性指数受水期变化影响较小,与南昌城市湖泊的模式明显不同[15],主要归因于气候、地域、水域类型等条件的差异.不同生境的 α 多样性指数差异显著,沉积物因富含附着物和营养物质,能提供更广阔的生态位,促使其 α 多样性指数高于水体.河岸带土壤真菌的 α 多样性指数仅在丰水期高于水体,与其较低含水量的限制有关[16].沉积物和河岸带土壤真菌 α 多样性指数均在丰水期最高,这得益于更高的温度、含水量和经径流沉积的大量有机物,为真菌增殖提供了适宜的环境条件,丰水期土壤和沉积物均具有较高的 SOM 含量也支持了这一观点.清水河水体真菌群落结构因受不同水期水文条件的强烈影响,差异更明显.沉积物真菌的群落成员从附近的土壤、沙子和植物碎片中招募,因此和土壤真菌群落具有较高的相似性,尤其丰水期受沿岸土壤的冲刷沉积,使其相似度最高.

普遍认为 WT、DO、pH 值、TP、NH_3–N 和金属离子等是显著影响水土系统真菌群落结构和多样性的环境因子[15,17].我们认为 Ca^{2+}、F^-、Cl^-对清水河水体真菌 α 多样性的影响更为显著,尤其 Ca^{2+} 和 F^-表现出负面效应,降低了物种多样性和均匀度.这种影响与研究区高氟、高盐的环境有关,抑制了不耐盐真菌的生长,使真菌 α 多样性指数显著降低[7].平水期 Ca^{2+}、F^-浓度最低,提高了水体真菌 α 多样性指数.尽管丰水期水流湍流有利于真菌从沉积物迁移至水体,从而提升多样性[18],但清水河真菌多样性并未显著增加,这可能归因于丰水期低 DO 抑制了多样性提升.间隙水 TDS、沉积物 EC 和 AK 等均是盐分的一个重要表现,较高的盐分含量同样降低了沉积物和土壤真菌的 α 多样性指数,使其呈负相关.沉积物 EC、AK、Ex–Mg 和间隙水 EC、TDS 显著影响沉积物真菌群落结构,反映了高盐环境对真菌群落的抑制作用.盐碱土壤的盐碱程度越低,TP 含量越高[19].氮磷营养盐可以为真菌增殖提供营养物质[20-21],因此间隙水 TP 与沉积物 Chao1 和 ASV 指数,以及河岸带土壤 TN 和 TP 与所有 α 多样性指数均呈显著正相关,同时河岸带土壤中的 TP、沉积物中的 TN、NH_4^+–N、TP 以及间隙水中的 NH_3–N 成为显著影响清水河真菌群落结构的因素.真菌生长需要适宜的 WT 和 pH 值,WT 和 pH 值对清水河水体真菌群落结构的影响强于 α 多样性.WT 不仅直接影响微生物代谢酶活性,还通过影响微生物相互作用[22]或影响浮游植物生长等间接改变水体理化性质,从而影响真菌群落组成[22].pH 值则影响真菌的营养吸收和生长[20],并通过直接或间接作用驱动真菌群落组成变化.更适宜的间隙水 pH 值促进了真菌 α 多样性指数升高,沉积物 pH 值过高对 Chao1、ASV 指数起到负向抑制作用.此外,真菌参与岩石风化[23],岩石风化会使氟化物从岩石中释放,增大 Ws–F 含量,使 Ws–F 与真菌 α 多样性指数呈正相关.

在本文中,真菌群落总变异的很大一部分没有得到解释,尤其河岸带土壤真菌总变异的解释度最低.因此,对清水河理化因子还需要进行更广泛的测量,更有可能获得能够显著解释真菌群落变化的因子.同时还需要兼顾考虑非生物因素和生物相互作用等其他方面的解释作用.

3.2　清水河优势真菌群落组成及其影响因素

盐碱环境的真菌常以腐生营养型真菌为主,并与植物或其他真核生物共生[24].壶菌门(Chytridiomycota)普遍存在于土壤、淡水和海洋系统中,填充了所有生态系统的生态位,并作为腐生菌和多种宿主上的寄生虫或表现出致病性生活方式[25],这一特性使其成为清水河 3 种生境的共有优势菌门.子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)是水土系统中普遍的优势种群[15,26-27],相对丰度受环境干扰影响较小,具有高度环境适应性.子囊菌门(Ascomycota)通常与环境中有机污染物浓度呈正相关关系[28],其具有较高的丰度,表明清水河受到较为严重的有机污染,证实了裴东艳等[29]的研究结论.担子菌门(Basidiomycota)多数是腐生菌,具有较强的降解纤维素和木质素等大分子化合物的能力[4].河岸带的生物物理结构能够保留河岸植被产生的纤维素和木质素等有机物质[30],河岸带土壤中的有机质通过冲刷在沉积物中沉积,推动生物膜的形成和相关的微生物活动[30],使担子菌门(Basidiomycota)在沉积物和河岸带土壤中均具有较高的丰度.罗兹菌门(Rozellomycota)在清水河沉积物不同水期均具有较大的相对丰度,与嘉陵江

沉积物一致[4].罗兹菌门(Rozellomycota)是各种真核生物的专性病原体,其分布可能间接依赖于宿主生物的相互作用特异性和生境偏好[31],在沉积物中表现出较高的丰度可能与其宿主生物生境偏好沉积物有关.被孢霉门(Mortierellomycota)能够促进土壤中有机质和纤维素的分解[32],河岸植被能产生大量纤维素,因而其只在土壤中具有较高的丰度.

水体真菌和沉积物真菌未分类属均占较大的丰度,尤其*Fungi_gen_Incertae_sedis*在3个水期丰度均较高,土壤中的优势属以能够明确分类的属为主.镰刀菌属(*Fusarium*)被农业农村部列入《一类农作物病虫害名录(2023 年)》,是植物根部的共生致病菌,在清水河沉积物和土壤中具有较高的丰度,可能借助植物光合作用间接提供了营养物质.镰刀菌属(*Fusarium*)在西藏扎布耶盐碱湖中表现出较高的丰度,且与 TN 具有显著负相关性[24],因此镰刀菌属(*Fusarium*)在清水河大量存在可能与反硝化作用有关.扎布耶盐碱湖还是典型的超盐盐碱湖,以饱和HCO_3^-、CO_3^{2-}、Na^+浓度为显著特性[24],镰刀菌属(*Fusarium*)在沉积物和土壤中表现出较高的丰度,还可能参与了清水河的碳酸岩矿物风化溶解[33].鬼伞属(*Coprinus*)、链格孢菌属(*Alternaria*)等多为自然界中广泛分布的真菌,这些优势菌群在土壤和沉积物中发挥了适应干旱盐碱等逆境、降解难溶性物质和参与化学循环等作用[34],在土壤中表现出较高的丰度与土壤的盐碱环境有关.

3.3 清水河真菌指示类群变化及其指示意义

不同水期真菌指示类群的差异表明真菌对特定生境的偏好及真菌潜在功能的变化.平水期 3 种生境的指示类群中,罗兹菌门(Rozellomycota)以从入侵的植物细胞中获得营养的寄生菌为主[32],毛霉菌门(Mucoromycota)及其 3 个亚门包括菌根真菌、根内生菌、植物病原体和许多植物材料的分解者[35].分枝孢子霉属(*Cladosporium*)会导致叶斑病、黑星病、采后腐烂和其他疾病症状[36].*Arrhenia* 为嗜苔藓物种[37],具有耐旱性[38].苔藓喜湿,然而清水河流域多数地区为旱区,因此推测清水河流域苔藓也演化出抗旱性能.珠头霉属(*Oedocephalum*)为亲粪真菌[39],平水期为农业种植期,两岸农业种植时施加的大量粪肥,通过降雨径流或者风沙作用向河岸带土壤迁移.因此平水期沉积物的优势菌指示了植物的生长与病害,土壤优势菌指示了苔藓的生长和农业生产中农家肥施用所带来的面源污染.

丰水期 3 种生境的指示类群中,担子菌门(Basidiomycota)、子囊菌门(Ascomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)多数为腐生菌,在有机污染物降解、纤维素和木质素等有机物质分解上发挥重要作用.*Chaetosphaeronema* 是沙漠植物内生菌[40],镰刀菌属(*Fusarium*)是植物根部的共生致病菌、耐盐碱[34],格孢腔菌属(*Pleospora*)是一种地衣共生菌[41],也可引起植物病害.因此,丰水期的优势门指示了大量有机质和有机污染物进入清水河水土系统,导致环境质量恶化,有机污染加剧.优势属指示了丰水期的温度升高、降雨量增大,促进了土壤和沉积物中植物生长和土壤表层地衣生长,也促使了水土流失,使沙漠植物本体或内生菌进入水体.

枯水期 3 种生境的指示类群中,*Biappendiculispora* 的部分菌种是木栖淡水真菌,生长在淡水溪流、池塘、湖泊和树洞中淹没的木质残体上,在生态系统功能和木质材料的养分循环中发挥重要作用[42].木栖淡水真菌具有高度多样性,可能对环境变化和全球变暖敏感[42].子囊菌门(Ascomycota)的有机物降解能力,分枝孢子霉属(*Cladosporium*)和假丝酵母菌属(*Candida*)的耐盐性能[34,43],曲霉菌属(*Aspergillus*)为寄生于土壤中的腐生菌,具有耐盐性,部分菌种还具有矿化和溶解磷酸盐的双重能力[44].因此,枯水期的优势门和属指示了难降解有机质在水体中富集,以及大量进入水环境的木制残体在沉积物中沉积后逐步被微生物分解以及沉积物和土壤的高盐碱环境.

4 结论

4.1 清水河水体真菌群落结构受水期变化影响显著,但其 α 多样性稳定性较高;沉积物真菌多样性高于水体,且与河岸带土壤群落相似性突出.

4.2 壶菌门(Chytridiomycota)为 3 种生境共有优势门,子囊菌门(Ascomycota)与担子菌门(Basidiomycota)丰度较高,未明确鉴定属(*Fungi_gen_Incertae_sedis*)及镰刀菌属(*Fusarium*)为关键优势属.

4.3 高盐高氟环境抑制真菌生长,水体 WT、pH 值、HCO_3^-、Ca^{2+},沉积物 EC 和间隙水 pH 值、NH_3-N

以及河岸带土壤 TN 等是核心影响因子.

4.4　真菌指示类群精准响应水期特征:平水期农业面源污染富集,丰水期有机污染迁移滞留,枯水期难降解物质累积与盐碱胁迫加剧.

参考文献：

[1] Lepère C, Domaizon I, Humbert J, et al. Diversity, spatial distribution and activity of fungi in freshwater ecosystems [J]. Peerj, 2019,7: e6247.

[2] Tant C J, Rosemond A D, Mehring A S, et al. The role of aquatic fungi in transformations of organic matter mediated by nutrients [J]. Freshwater Biology, 2015,60(7):1354−1363.

[3] 胡海洋,彭　亮,程　艳,等.伊犁河游流域可培养水生真菌多样性及胞外酶活性 [J]. 西南农业学报, 2023,36(4):826−837.
Hu H Y, Peng L, Cheng Y, et al. Diversity of culturable fungi and screening of extracellular enzyme activities in water environment of the Ili River Basin [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2023,36(4):826−837.

[4] 王　瑜,徐　飞,竹兰萍,等.嘉陵江中下游不同河道断面沉积物真菌群落结构与功能 [J]. 环境科学, 2024,45(7):4006−4013.
Wang Y, Xu F, Zhu L P, et al. Structure and function of fungal community in channel sediments of different sections of Jialing River [J]. Environmental Science, 2024,45(7):4006−4013.

[5] 陈　新.无定河流域不同地貌区沉积泥沙中微生物群落对水沙环境的响应机理 [D]. 西安:西安理工大学, 2023.
Chen X. Response mechanism of microbial community in sediment to water and sediment environment in different geomorphological region of Wuding River Basin [D]. Xi'an: Xi'an University of Technology, 2023.

[6] Xu F, Zhu L P, Wang J Y, et al. Nonpoint source pollution (NPSP) induces structural and functional variation in the fungal community of sediments in the Jialing River, China [J]. Microbial Ecology, 2023, 85(4):1308−1322.

[7] Yang C, Sun J. Soil salinity drives the distribution patterns and ecological functions of fungi in saline−alkali land in the Yellow River Delta, China [J]. Frontiers in Microbiology, 2020,11:594284.

[8] Dong X D, Yang L Y, Harbo L S, et al. Effects of land use on soil microbial community structure and diversity in the Yellow River floodplain [J]. Journal of Plant Ecology, 2023,16(1):75.

[9] Tian J Q, Zhu D, Wang J Z, et al. Environmental factors driving fungal distribution in freshwater lake sediments across the headwater region of the Yellow River, China [J]. Scientific Reports, 2018,8(1):3768.

[10] Yang C, Zeng Z, Zhang H, et al. Distribution of sediment microbial communities and their relationship with surrounding environmental factors in a typical rural river, Southwest China [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2022,29(56):84206−84225.

[11] Zhao Z F, Zhao R Z, Qiu X C, et al. Structural diversity of bacterial communities and its relation to environmental factors in the surface sediments from main stream of Qingshui River [J]. Water (Basel), 2022,14(21):3356.

[12] Zhao R Z, Zhang W, Zhao Z F, et al. Determinants and assembly mechanism of bacterial community structure in Ningxia Section of the Yellow River [J]. Microorganisms, 2023,11(2):496.

[13] 李明珠,张文超,孙振涛,等.不同提取剂对盐碱土壤氟形态测定结果的影响 [J]. 实验技术与管理, 2021,38(10):33−39.
Li M Z, Zhang W C, Sun Z T, et al. Effects of different extractants on determination results of fluorine in saline−alkali soil [J]. Experimental Technology and Management, 2021,38(10):33−39.

[14] 张　博,郭云艳,陈俊伊,等.岱海沉积物氟化物赋存特征及其释放风险 [J]. 中国环境科学, 2020,40(4):1748−1756.
Zhang B, Guo Y Y, Chen J Y, et al. Occurrence characteristics and release potential of fluoride in sediment of DaiHai Lake [J]. China Environmental Science, 2020,40(4):1748−1756.

[15] 黄　祎,王　鹏,丁明军,等.南昌城市湖泊浮游真菌群落组成、共生模式及影响因素 [J]. 环境科学, 2023,44(10):5556−5566.
Huang Y, Wang P, Ding M J, et al. Community composition, symbiotic patterns, and influencing factors of planktonic fungi in urban lakes of Nanchang [J]. Environmental Science, 2023,44(10):5556−5566.

[16] 高玉峰,贺字典.影响土壤真菌多样性的土壤因素 [J]. 中国农学通报, 2010,26(10):177−181.
Gao Y F, He Z D. Study on soils effect factors to fungi diversity in Hebei Province [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010,26 (10):177−181.

[17] 胡　婷.长江中下游湖泊中细菌和真菌多样性的空间分布格局及其驱动因素初步探究 [D]. 南京:南京师范大学, 2021.
Hu T. Preliminary study on the spatial distribution pattern and driving factors of bacterial and fungal diversity in lakes in the middle and lower reaches of the Yangtze River [D]. Nan Jing: Nanjing Normal University, 2021.

[18] Pietryczuk A, Cudowski A, Hauschild T, et al. Abundance and species diversity of fungi in rivers with various contaminations [J]. Current Microbiology, 2018,75(5):630−638.

[19] 李　新.不同盐碱程度盐碱土壤微生物多样性研究 [D]. 呼和浩特:内蒙古师范大学, 2015.
Li X. Studies on soil microbial community structure diversity in different degrees of saline−alkaline soil [D]. Hohhot: Inner Mongolia Normal University, 2015.

[20] Yang Q, Zhang P, Li X D, et al. Distribution patterns and community assembly processes of eukaryotic microorganisms along an altitudinal gradient in the middle reaches of the Yarlung Zangbo River [J]. Water Research, 2023,239:120047.

[21] Jiang T T, Sun S N, Chen Y N, et al. Microbial diversity characteristics and the influence of environmental factors in a large drinking−water source [J]. Science of The Total Environment, 2021,769:144698.

[22] Liu N, Wang B L, Yang M L, et al. The different responses of planktonic bacteria and archaea to water temperature maintain the stability of their community diversity in dammed rivers [J]. Ecological Processes, 2023,12(1).

[23] 窦传伟.一株岩生真菌对碳酸盐岩的风化作用研究 [D]. 贵阳:中国科学院地球化学研究所, 2009.
Dou C W. Study on the weathering of carbonate rocks by a rock fungus [D]. Guiyang: Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, 2009.

[24] 陶宇杰,乔丽娟,郭　敏,等.西藏扎布耶盐碱湖真核浮游生物的群落

结构与多样性分析 [J]. 微生物学通报, 2024,51(6):1970-1982.
Tao Y J, Qiao L J, Guo M, et al. Community structure and diversity of eukaryotic plankton in the Zabuye Saline-Alkali Lake, Xizang [J]. Microbiology China, 2024,51(6):1970-1982.

[25] 黄 祎.亚热带城市湖泊浮游真菌群落结构及构建机制——以南昌市为例 [D]. 南昌:江西师范大学, 2023.
Huang Y. Structure and assembly mechanism of planktonic fungal communities in subtropical urban lakes--taking Nanchang City as an example [D]. Nanchang: Jiangxi Normal University, 2023.

[26] Lin W, Liu X, Gong L, et al. Impact of environmental factors on diversity of fungi in sediments from the Shenzhen River Estuary [J]. Archives of Microbiology, 2023,205(3):96.

[27] 魏晓帅,郭米山,高广磊,等.呼伦贝尔沙地樟子松根内真菌群落结构与功能群特征 [J]. 北京大学学报(自然科学版), 2020,56(4):710-720.
Wei X S, Guo M S, Gao G L, et al. Community structure and functional groups of fungi in the roots associated with Pinus sylvestris var. mongolica in the Hulunbuir Sandy Land [J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Pekinensis, 2020,56(4):710-720.

[28] 杨 恕,廖能健,黄海锋,等.广西北部湾茅尾海浮游真菌群落结构及其影响因子 [J]. 微生物学报, 2023,63(11):4399-4413.
Yang S, Liao N J, Huang H F, et al. Mycoplankton community structure and its influencing factors in the Maowei Sea of the Beibu Gulf, Guangxi [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2023,63(11):4399-4413.

[29] 裴东艳,谢 磊,徐 斌,等.基于氮氧同位素技术的黄河上游清水河硝酸盐来源解析 [J]. 中国环境科学, 2022,42(9):4115-4121.
Pei D Y, Xie L, Xu B, et al. Analysis of nitrate sources in the Qingshui River of the Yellow River with nitrogen and oxygen isotope technique [J]. China Environmental Science, 2022,42(9):4115-4121.

[30] M. Pusch D, Fiebig I B H, Eisenmann B K E L, et al. The role of micro-organisms in the ecological connectivity of running waters [J]. Freshwater Biology, 1998,40:453-495.

[31] Cao J J, Wang H R, Holden N M, et al. Soil properties and microbiome of annual and perennial cultivated grasslands on the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Land Degradation and Development, 2021,32(18):5306-5321.

[32] 郑志玉,郭晓雯,闵 伟.不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应 [J]. 环境科学, 2023,45(1):520-529.
Zheng Z Y, Guo X W, Min W. Response of soil fungal community to biochar application under different irrigation water salinity [J]. Environmental Science, 2023,45(1):520-529.

[33] 赵增锋,王楚尤,邱小琮,等.宁夏清水河流域地表水水化学特征及高氟水成因机制 [J]. 地学前缘, 2024,31(6):462-473.
Zhao Z F, Wang C Y, Qiu X C, et al. Hydrochemical characteristics of surface water and genetic mechanism of high fluorine water in Qingshui River Basin in Ningxia [J]. Earth Science Frontiers, 2024,31(6):462-473.

[34] 阿瓦古丽·图尔荪,张新强,贠丰泽,等.乌鲁木齐市河马泉新区土壤微生物多样性及其影响因素分析 [J]. 中国环境科学, 2023,43(S1):277-287.
TURSUN Awagul, Zhang X Q,Yun F Z, et al. Analysis of soil microbial diversity and influencing factors in Hemaquan New District in Urumqi [J]. China Environmental Science, 2023,43(S1):277-287.

[35] Bonfante P, Venice F. Mucoromycota: going to the roots of plant-interacting fungi [J]. Fungal Biology Reviews, 2020,34(2):100-113.

[36] Rosado A W C, Custodio F A, Pinho D B, et al. Cladosporium species associated with disease symptoms on Passiflora edulis and other crops in Brazil, with descriptions of two new species [J]. Phytotaxa, 2019, 409(5):239-260.

[37] Wang J, Gao H, Liu D M, et al. A new species of Arrhenia (Agaricales, Hygrophoraceae) from Guizhou Province, China [J]. Turkish Journal of Botany, 2023,47(2):190-195.

[38] Bridge P, Newsham K. Soil fungal community composition at Mars Oasis, a southern maritime Antarctic site, assessed by PCR amplification and cloning [J]. Fungal Ecology, 2009,2:66-74.

[39] Avila A, Chávez A, García L. Mitosporic coprophilous fungi of Zulia State, Venezuela [J]. Revista Cientifica-Facultad De Ciencias Veterinarias, 2002,12(2):75-81.

[40] Zheng M, Xu Z L, Yang R M, et al. Stereochemical determination of four 10 - membered ring resorcylic acid lactones from the desert plant endophytic fungus Chaetosphaeronema hispidulum [J]. Journal of Antibiotics, 2020,73(7):471-474.

[41] Hafellner J, Zimmermann E. A lichenicolous species of Pleospora (Ascomycota) and a key to the fungi invading Physcia species [J]. Herzogia, 2012,25(1):47-59.

[42] Bao D F, Su H Y, Maharachchikumbura S S N, et al. Lignicolous freshwater fungi from China and Thailand: Multi-gene phylogeny reveals new species and new records in Lophiostomataceae [J]. Mycosphere, 2019,10:1080-1099.

[43] 李 伟.海洋真菌分子生态学研究概况、问题与展望 [J]. 菌物学报, 2019,38(7):1021-1032.
Li W. Current status, problems and future prospects of the studies on molecular ecology of marine fungi [J]. Mycosystema, 2019,38(7):1021-1032.

[44] Gaind S, Nain L. Soil-phosphorus mobilization potential of phytate mineralizing fungi [J]. Journal of Plant Nutrition, 2015,38(14):2159-2175.

作者简介: 赵增锋(1994-),男,河南商丘人,博士,研究方向为水域生态学及水域生态修复.发表论文 20 余篇.zhaozf0517@163.com.