

# 西北某市地下水源真菌种群及多样性特征分析

任 巍<sup>1,2</sup>, 黄廷林<sup>1</sup>

(1. 西安建筑科技大学 环境与市政工程学院 陕西省环境工程重点实验室, 陕西 西安 710055; 2. 河南科技大学 建筑学院, 河南 洛阳 471023)

**摘要:** 饮用水中的真菌污染会引起水体产生臭味, 其潜在致病性容易导致流行性疾病的发生. 以西北某市水源井水为研究对象, 利用 PCR-DGGE 分子指纹图谱技术分析水体中的真菌多样性. 研究得出, 该地区地下水中真菌种类较为丰富, 真菌多样性指数、丰富度指数和均匀度指数分别为 0.89~1.33、9~25 和 0.405~0.460. 不同样点真菌群落相似性存在一定关系, 相邻样点间相似性较高. 对 DGGE 条带进行回收、克隆、测序, 显示隐球菌属(*Cryptococcus*. sp)、暗球腔菌属(*Pluteus*. sp)、镰刀菌属(*Fusarium*. sp)、青霉属(*Penicillium*. sp)四种类型为优势种属. 相关性分析表明不同种属的真菌与环境变量的相关性并不相同, pH 值和温度和对镰刀菌属(*Fusarium*. sp)、青霉属(*Penicillium*. sp)的生长相关性较大. 研究为地下水真菌污染控制提供了一定的理论依据.

**关键词:** 地下水; 真菌多样性; DGGE

中图分类号: TU991

文献标志码: A

文章编号: 1006-7930(2021)02-0295-07

## Analysis of fungi population and diversity characteristics of groundwater source in a city of northwest China

REN Wei<sup>1,2</sup>, HUANG Tinglin<sup>1</sup>

(1. Shaanxi Key Laboratory of Environmental Engineering, School of Environmental and Municipal Engineering, Xi'an Univ. of Arch. & Tech., Xi'an 710055, China;

2. School of Architecture, Henan University of Science and Technology, Luoyang 471023, China)

**Abstract:** The occurrence of fungi in drinking-water may be linked to taste, odour and some health problems, and its potential pathogenicity can easily lead to the occurrence of epidemic diseases. Water samples were taken from twelve ground water source wells, then PCR-DGGE molecular fingerprinting technology was used to analyze the fungal diversity. The results showed that there were abundant fungal species in groundwater in this area, with fungal diversity index, richness index and evenness index ranged from 0.89~1.33, 9~25 and 0.405~0.460, respectively. There was a certain relationship between the similarity of fungal communities in different sites, and the similarity between adjacent spots was higher. The DGGE band was recovered, cloned, and sequenced, and the results showed that *Cryptococcus* sp., *Pluteus* sp., *Fusarium* sp., *Penicillium* sp. Species types were dominant species. Correlation analysis showed that the correlation between different species of fungi and environmental variables was not the same, pH and temperature are more relevant to the growth of *Fusarium* sp. and *Penicillium* sp. The research provides a certain theoretical basis for the control of groundwater fungal pollution.

**Key words:** ground water; fungal diversity; DGGE

饮用水安全问题关系到人类生命健康<sup>[1-2]</sup>, 近年来, 随着检测技术的提高和改进, 饮用水中微生物的安全性受到更多的关注<sup>[3]</sup>, 其中由真菌的繁殖带来的饮用水污染问题日趋普遍, 逐渐受到重视<sup>[4]</sup>. 真菌在水源水中的生长不仅影响到了水体嗅觉<sup>[5]</sup>和味觉<sup>[6]</sup>上的不适, 使水处理工艺变得复杂, 而且其中致病性及潜在致病性菌的积累容易导致流行性疾病的发生<sup>[7]</sup>. 目前, 国内外对真菌群落多

样性及其潜在致病性研究多集中于土壤<sup>[8]</sup>、地表水<sup>[9]</sup>、自来水<sup>[10]</sup>、医院供水系统<sup>[11]</sup>等环境中, 而对地下水源水中真菌污染的研究相对较少<sup>[12]</sup>.

可培养微生物通常只占环境微生物总数的极小部分, 传统的培养分离方法只能反映出部分的微生物信息<sup>[13]</sup>, 很难反映出环境中微生物多样性的原始状态<sup>[14]</sup>. 目前利用聚合酶链式反应-变性梯度凝胶电泳 (polymerase chain reaction-denature

收稿日期: 2020-10-18

修改稿日期: 2021-03-15

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(51979217, 51978557); 陕西省重点研发计划项目(2018ZDXM-SF-029)

第一作者: 任 巍(1979—), 男, 博士生, 主要研究饮用水处理技术. E-mail: renwei\_lz@163.com

通信作者: 黄廷林(1962—), 男, 教授, 博士生导师, 主要研究方向为水源水质污染与富营养化控制. E-mail: huangtinglin@xauat.edu.cn

gradient gel electrophoresis, PCR-DGGE) 这一分子生物学方法<sup>[15]</sup>对水环境中的真菌多样性研究已有报道, 邸诗雨等<sup>[9]</sup>对西安市典型景观水体水质与微生物种群结构多样性研究发现不同水体真菌菌群结构存在明显差异, 茎点霉属(*Phoma* sp.) 真菌是分布在城市景观水体中的优势种群. 王风芹等<sup>[16]</sup>对贾鲁河水体微生物菌群结构季节动态变迁研究发现贾鲁河水体和底泥中细菌数量显著高于真菌和放线菌数量, 水体中各类群微生物数量夏秋季高于冬春季, 而底泥中细菌、真菌和放线菌数量春夏季略高于秋冬季. 宣淮翔等<sup>[17]</sup>研究了太湖不同湖区水生真菌多样性发现子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为优势种群, 聚类及典型相关分析表明, 太湖不同湖区水生真菌多样性存在差异, 这与湖区间不同的营养水平、风浪扰动状况等因素有关. 张利兰<sup>[18]</sup>对豫北黄河故道、山东黄河三角洲和河北白洋淀三个不同类型的湿地水体研究发现真菌主要分布壶菌纲(Chytridiomycetes 16.2%), 黑粉菌纲(Ustilaginomycetes 5.4%), 接合菌纲(Zygomycetes 2.7%)和绣菌纲(Urediniomycetes 21.6%), 三个湿地共有类群为 Urediniomycetes, 但分布在其不同的种属.

西北某市属暖温带半湿润大陆性季风气候, 夏季炎热多雨, 每到夏季高温时节, 其常规水厂的地下水源水中真菌会大量繁殖, 形成以丝状菌、放线菌等为主的微生物絮体, 堵塞管道, 增大水处理设施的负荷. 本研究利用 PCR-DGGE 分子指纹图谱技术探究供水系统中真菌种属多样性、变化规律、优势种属等进行了对比分析, 为进一步研

究地下水源井中真菌污染控制等方面提供依据.

## 1 材料与方法

### 1.1 采样点概况

课题组研究对象西北某市北郊地下水源地共有 54 口井, 常态化运行的有 32 口井<sup>[19]</sup>. 本研究在选取其中 12 个具有代表性的地下水源井为研究对象(表 1).

表 1 12 个水源井概况  
Tab. 1 Description of the twelve water source wells

井编号	经纬度	井深/m	产水量 /m <sup>3</sup> ·h <sup>-1</sup>
7	34°20'12.4"N, 108°48'4.0"E	243	25
10(1)	34°20'52.4"N, 108°47'24.5"E	188	32
16	34°27'2.3"N, 108°47'4.5"E	143	16
20	34°28'12.3"N, 108°48'21.3"E	129	28
23	34°32'15.6"N, 108°51'14.5"E	136	19
34	34°36'2.2"N, 108°81'2.6"E	194	15
36A	34°36'12.8"N, 108°81'12.8"E	231	27
37	34°36'8.5"N, 108°81'28.0"E	156	17
39	34°35'0.3"N, 108°80'8.2"E	164	23
41A	34°35'1.7"N, 108°80'15.3"E	263	32
43	34°35'12.4"N, 108°80'24.5"E	198	24
46	34°35'28"N, 108°80'27"E	202	19

### 1.2 样品采集

2014 年 6 月采集 12 个地下水样品, 每个水样均取 5 L 用于水质分析和微生物群落结构分析, 全程无菌操作.

### 1.3 水质指标测定

水质指标测定参照环保部出版的《水与废水监测方法》第四版中的标准方法, 详见表 2.

表 2 水质分析方法及所用仪器

Tab. 2 Methods and instruments for water quality analysis

序号	分析项目	检测方法	分析仪器
1	Fe <sup>2+</sup>	邻菲罗啉分光光度法	DR5000 型紫外-可见分光光度计, 美国 HACH 公司
2	Mn <sup>2+</sup>	高碘酸钾氧化光度法	DR5000 型紫外-可见分光光度计, 美国 HACH 公司
3	NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N	纳氏试剂分光光度法	DR5000 型紫外-可见分光光度计, 美国 HACH 公司
4	NO <sub>3</sub> <sup>-</sup> -N	紫外分光光度法	DR5000 型紫外-可见分光光度计, 美国 HACH 公司
5	NO <sub>2</sub> <sup>-</sup> -N	N-(1-萘基)-乙二胺光度法	DR5000 型紫外-可见分光光度计, 美国 HACH 公司
6	碱度	酸碱指示剂滴定法	/
7	DOC	燃烧氧化-非分散红外吸收法	岛津 TOC-ASI
8	COD <sub>Mn</sub>	滴定法	/
9	浊度	浊度仪法	D6000 美国 HACH 公司
10	DO	便携式溶氧仪法	HQ30 d 便携式分析仪
11	pH	便携式 pH 计法	HQ30d 便携式分析仪

### 1.4 水体微生物总 DNA 提取

所用试剂盒为 E. Z. N. A. ® water DNA Kit

(D5525), 美国 OMEGA 生物公司. 主要步骤参考试剂盒使用说明书及王帅<sup>[20]</sup>论文中的方法

[9, 21], 详见表 3. DGGE 图谱采用 Quantity

实验中所用引物设计及扩增程序参考文献 One 软件分析.

表 3 真菌巢式 PCR 引物及条件

**Tab. 3** Primer sets and nested PCR procedure of fungi

微生物	引物	PCR 扩增条件
真菌	ITS1F: CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA	94 °C for 5 min, 35 cycles (94 °C for 30 s, 55 °C for
	ITS4: TCCTCCGCTTATTGATATGC	30 s, 72 °C for 30 s), 72 °C for 5 min, 12 °C forever
	ITS1F-GC: * CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA	94 °C for 5 min, 35 cycles (94 °C for 30 s, 53 °C for
	ITS2: GCTGCGTTCTTCATCGATGC	30 s, 72 °C for 30 s), 72 °C for 5 min, 12 °C forever

注: \* 代表 CGCCCGCCGCGCGCGCGGGCGGGGCGGGGGCACGGGGGG<sup>[9, 21]</sup>

## 2 结果与分析

参照 WU 等的方法<sup>[22]</sup>.

## 2.1 水质特征

Quantity One 分析软件(Version 4.3.1, 美国 Bio-Rad 公司)分析指纹图谱. 软件分析所得的数据进行真菌多样性分析.

真菌的多样性水平采用如下指数考查:

Shannon 多样性指数

$$H = - \sum P_i \ln P_i$$

Pielou 均匀度指数

$$J = H / \ln S$$

12 个地下水水质检测数据见表 4. 由数据可以看出, 12 个水样的水温在 18.4~20.8 之间, 整体变化不大. pH 值显示水体呈弱碱性 (8.38~8.78), 溶解氧浓度在 8.0~10.5 mg/L 之间, 均在水环境正常范围内.

根据地下水环境质量(GB/T 14848-9)标准值(Ⅲ类)分析, 12 个水样中 Fe(7, 34 号井)和 Mn(16, 37, 39 号井)水样超标.

表 4 12 个水体水质指标分析

**Tab. 4** Water quality parameters of water samples from twelve sites

井号	$T/^{\circ}\text{C}$	pH	DO	TN	$\text{NH}_4\text{-N}$	$\text{NO}_3\text{-N}$	TP	Fe	Mn	$\text{COD}_{\text{Mn}}$	TOC
$\text{C}/\text{mg L}^{-1}$											
7	19.8	8.44	2.67	0.180	0.042	0.000	0.048	0.860	0.073	2.80	0.861
10(1)	19.6	8.34	2.58	0.040	0.060	0.004	0.044	0.085	0.074	4.20	0.659
16	18.5	8.47	5.63	0.100	0.094	0.013	0.048	0.098	0.150	3.70	1.076
20	19.2	8.38	3.20	0.100	0.060	0.013	0.052	0.240	0.089	2.40	0.598
23	20.8	8.39	2.28	0.030	0.073	0.026	0.052	0.099	0.090	4.40	0.601
34	20.1	8.61	2.14	0.090	0.076	0.004	0.041	0.337	0.046	3.10	0.495
36A	19.2	8.78	4.63	0.120	0.050	0.009	0.048	0.059	0.070	4.30	0.875
37	19.6	8.57	2.96	0.030	0.076	0.017	0.055	0.055	0.155	3.70	1.320
39	20.2	8.69	3.33	0.080	0.018	0.022	0.052	0.062	0.210	4.30	0.538
41A	19.7	8.42	1.98	0.251	0.068	0.061	0.048	0.290	0.043	2.20	0.625
43	19.5	8.40	2.62	0.120	0.141	0.081	0.070	0.118	0.093	3.10	0.929
46	18.4	8.53	3.64	0.160	0.190	0.012	0.066	0.064	0.047	3.90	1.680

## 第7泳道结构的相似百分比.

如图 1 所示, DGGE 图谱中的条带清晰, 说明所选择的生物样本合适, 样本的稀释梯度及 DNA 浓度满足检测的要求. 在 DGGE 图谱中, 每个泳道对应一个环境样本, 每个泳道中不同位置的光亮条带代表一种真菌种属, 位置不同真菌种属不同. 多个泳道的同一位置的条带可说明该位置的真菌种属存在于每个环境样本中, 通过上述分析以及相关软件根据条带亮度和数量所赋值计算相应的多样性指数.

图 1 泳道比较图中的百分数(%)是其余泳道与

如图 1 所示: 12 个样品通过巢式 PCR-DGGE 共分离出 25 个条带, 12 个环境样本的特征有相同点, 也有不同, 例如条带 6、14 和 16 是 12 个样品共有条带, 条带 23 是第 10(1)样品的特有带。这说明真菌种属分布有一定的规律, DGGE 图谱中, 不同环境样本所得的条带数目并不相同, 但对应的真菌种属有相同之处, 说明一些真菌是多个环境样本所共有的, 而一些环境样本中的某一条带有唯一性, 说明这个条带对应的真菌种属是别的环境样本中所没有的。

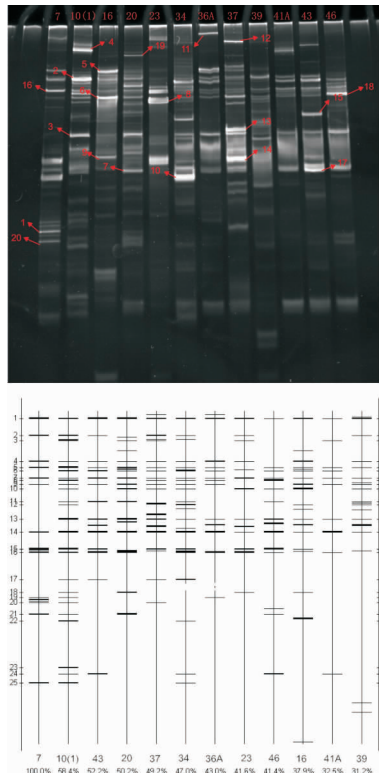


图 1 不同样品真菌 DGGE 图谱及泳道比较图

Fig. 1 DGGE profile and lane comparison of amplified fungal fragments from different samples

本研究对各样品的  $S$ 、 $H$  和  $J$  等进行了综合分析, 结果如表 5 所示. 不同样品  $H$  和  $J$  值存在差异, 真菌多样性指数、丰富度指数和均匀度指数分别为 0.89~1.33、10~25 和 0.405~0.460. 其中, 10(1) 井样品的多样性指数最高, 指数为 1.33, 43 号井样品最低, 指数为 0.89; 丰富度指

数 10(1) 号井样品最高为 26, 43 号井中样品最低为 9; 均匀度 7 号井样品最高为 0.460, 43 号井样品最低为 0.405.

表 5 真菌多样性、丰富度及均匀度指数

Tab. 5 Diversity index, richness index and evenness index of fungi

井号	多样性指数 $H$	丰富度指数 $S$	均匀度指数 $J$
7	1.18	13	0.460
10(1)	1.33	25	0.413
16	1.12	15	0.414
20	1.23	17	0.434
23	1.24	19	0.421
34	1.28	21	0.420
36A	1.00	11	0.417
37	1.02	12	0.410
39	1.09	14	0.413
41A	1.23	18	0.426
43	0.89	9	0.405
46	1.13	16	0.408

### 2.3 真菌群落结构相似性( $C_s$ )分析

真菌群落结构相似性分析可以得出, 34 号井和 36A 号井样品的相似度最高, 达 63.3%, 说明这两个样品的微生物群落结构相似程度比较高, 而 7 号井和 16 号井样品的相似度最低, 为 20.4%. 通过 UPGMA 算法对不同样点真菌菌群落结构相似性进行聚类分析, 结果如表 4 所示, 由图可知当  $C_s$  小于 0.4 时, 样品分为 4 大族: 7 号井样品单独为一族, 10(1)、41A、43 和 46 号井样品为第二族, 其余样品为第三族. 不同样品比较, 相邻样品真菌群落相似性较高, 聚类位置相近.

表 6 样品的相似性系数分析

Tab. 6 Similarity coefficient of fungal community

	7	10(1)	16	20	23	34	36A	37	39	41A	43	46
7	100											
10(1)	52.2	100										
43	37.4	42.3	100									
20	47.2	52.9	52.5	100								
37	43.9	46.7	49.3	44.2	100							
34	46.7	56.9	46.3	47.5	55.2	100						
36A	34.4	41.2	44.4	49.1	54.2	63.3	100					
23	44.2	52.7	46.6	44.7	50.9	54.5	50.4	100				
46	48.0	42.0	50.8	43.2	48.4	51.0	37.4	62.2	100			
16	20.4	47.4	32.6	28.5	33.2	47.1	48.1	42.4	34.3	100		
41A	36.8	60.3	36.7	48.6	47.2	63.2	55.2	52.4	44.3	51.6	100	57.0
39	34.4	58.0	35.6	40.9	39.5	49.7	39.6	51.6	42.6	48.9	57.0	100

### 2.4 真菌 DGGE 条带基因片段测序分析

通过图谱分析, 选择环境样本中的真菌种属最多作为目标条带, 编号, 然后进行割胶、测序.

通过测序, 将所测序结果与 NCBI 库进行表, 相似度最高的已知真菌种属极大可能就是该条带对应的真菌种属[8], 详见表 7.

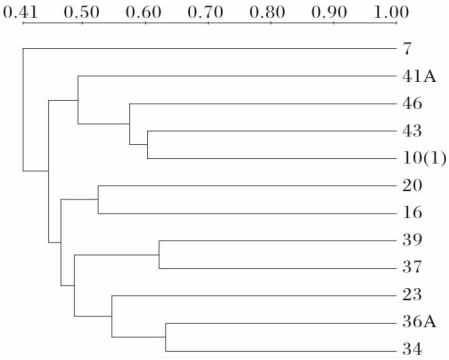


图 2 不同取样点真菌群落结构相似性的聚类分析

Fig. 2 Cluster analysis of fungal community composition at different stations

表 7 DGGE 条带的序列比对分析

Tab. 7 Sequence alignment of DGGE results

条带 编号	碱基 对序列	最相近种属 (GenBank 登录号)	相似度/%
6	182	<i>Fusarium oxysporum</i> (KF998987. 1)	97
8	167	<i>Penicillium chrysogenum</i> (KM396379. 1)	100
9	181	<i>Cryptococcus diffluens</i> (KC152904. 1)	98
14	219	<i>Phaeosphaeria fuckelii</i> (KF850379. 1)	100
17	162	Uncultured fungus (KF222123. 1)	100
18	180	Uncultured fungus (JN906546. 1)	97

由表 7 可以看出，6 条序列与 GenBank 中序列的最大相似度都在 97% 以上。

其中尖刀链胞菌 (*Fusarium oxysporum*) 和暗球腔菌 (*Phaeosphaeria fuckelii*) 为 12 个水样中共同存在的真菌种属。

2.5 真菌与环境变量之间的相关关系

地下水体中的丝状真菌来源及生长繁殖是一个复杂的过程，可能受到来至于气候、降水、温度、地表环境及人类活动等方面的影响。但从另一方面分析，水体中的某些水质指标及营养物质可能是影响其在水体中生长繁殖的重要方面。

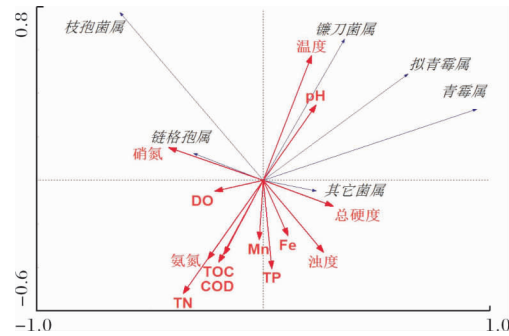


图 3 真菌与环境变量之间的相关关系

Fig. 3 Correlation between fungi and environmental variables

利用 Excel 2003、Canaco 4.5 等软件分析地下水源井中的真菌与常规水质指标之间的相关关系，

结果如图 3 所示。从图 3 我们可以看出，真菌的生长和常规水质指标 DO、pH、温度、浊度、铁、锰、TN、TP、氨氮、碱度、COD、TOC 存在一定的相关性。不同种属的真菌与环境变量的相关性并不相同。pH 值和温度和对镰刀菌属 (*Fusarium. sp*)、青霉属 (*Penicillium. sp*) 的生长相关性较大。

3 讨论

据推测，全世界的真菌种类约 150 万种，目前已经得到鉴定的 (包括陆生、水生等约 80 000 种) 仅占其全部种类的 5% 左右<sup>[23]</sup>。其中绝大部分不能用传统培养分离的方法进行研究。本文利用 PCR-DGGE 这一无需分离培养微生物的技术，来研究西北某市地下水源井水中真菌种群的分布特征。但该方法对于优势类群的一般只能鉴定到目或科，缺乏更为详细的分类学信息，有一定的局限性<sup>[17]</sup>。

西北某市地下不同的水源井中真菌多样性指数、丰富度指数和均匀度指数分别为 0.89~1.33、9~25 和 0.405~0.460，表明该地区地真种类较为丰富，这与 Elke 等<sup>[24]</sup>人在对德国地下饮用水源的研究结论类似。影响水体中的真菌繁殖的因素很多，如温度及碳、氮<sup>[25]</sup>等营养物质<sup>[17]</sup>有关。地下水是一个相对封闭的环境，水源的补给相对复杂，由图 1 DGGE 图谱可以看出，不同的水源井水中既存在着共同的真菌种属也有各自特异的种属，说明不同的位置对其真菌种属有一定的影响，张利兰<sup>[18]</sup>对自然湿地水体真菌群落结构研究表明地理位置对其真细菌群落结构的分布是有明显的影响的。

通过 PCR-DGGE 技术得出各样品间的真菌群落相似性系数不尽相同，34 号井和 36A 号井样品的相似度最高，达 63.3%，说明这两个样品的微生物群落结构相似程度比较高，而 7 号井和 16 号井样品的相似度最低，为 20.4%。地下水的补给、循环和流动是一个非常复杂的过程，不同水样之间的差异可能和其所处的不同的含水层有关。

同时，通过克隆测序得出的 6 条序列与 GenBank 中序列的最大相似度都在 97% 以上。其中尖刀链胞菌 (*Fusarium oxysporum*) 和暗球腔菌 (*Phaeosphaeria fuckelii*) 为 12 个样品中共同存在的真菌种属，另外，有相当一部分不可培养真菌存在于不同的水样中，并且尖刀链胞菌 (*Fusarium oxysporum*) 和暗球腔菌 (*Phaeosphaeria fuckelii*) 在纯培养试验中并未培养出 (文中未列出纯培养实验结

果). 这也从另一方面佐证了 PCR-DGGE 技术作为研究微生物菌落组成及演化规律的有效方法<sup>[26]</sup>.

地下水体中的丝状真菌来源及生长繁殖是一个复杂的过程, 可能受到来至于气候、降水、温度、地表环境及人类活动等方面的影响. 但从另一方面分析, 水体中的某些水质指标及营养条件可能是影响其在水体中生长繁殖的重要方面<sup>[25]</sup>.

利用 Excel 2003、Canaco 4.5 等软件分析地下水水源井中的真菌与常规水质指标之间的相关关系, 结果如图 3 所示. 从图 3 可以看出, 真菌的生长和常规水质指标 DO、pH、温度、浊度、铁、锰、TN、TP、氨氮、碱度、COD、TOC 存在一定的相关性. 不同种属的真菌与环境变量的相关性并不相同. pH 值和温度和对镰刀菌属 (*Fusarium. sp.*)、青霉属 (*Penicillium. sp.*) 的生长相关性较大. Hamid Moh 等人<sup>[25]</sup>的研究发现, 真菌在 C:N 比为 1:1 时生长最为迅速, 此外, pH 值为 5.5~6.5 与其他 pH 值相比, 显示出最佳的真菌生长条件.

尽管 PCR-DGGE 技术对水处理系统微生物群落结构演替规律的研究有重要意义. 但 PCR-DGGE 技术检测的 DNA 片段受片段长度的限制, 对较长的片段分离率下降, 限制了用于系统发育分析和探针的序列信息量<sup>[27]</sup>. 不同类型真菌种群的 rDNA 有着相同的迁移行为, 一条 DGGE 带可能代表几种菌, 也可能不同的几条 DGGE 带代表同一种菌. 另一方面, 由于 PCR、DGGE 方法的灵敏度所造成的不能确定代谢活性、细菌数量和基因表达的水平等也是该技术的局限性.

## 4 结论

(1) 西北某市地下水中真菌种类较为丰富, 不同的水源井中既存在着共同的真菌种属也有各自特异的种属, 真菌多样性指数、丰富度指数和均匀度指数分别为 0.89~1.33、9~25 和 0.405~0.460.

(2) 对不同样点真菌群落相似性进行比较研究得出其相似性系数存在着一定的关系, 相邻样点间相似性较高. 显示优势类群主要分布于隐球菌属 (*Cryptococcus sp.*)、暗球腔菌属 (*Pluteus sp.*)、镰刀菌属 (*Fusarium sp.*)、青霉属 (*Penicillium sp.*) 四种类型真菌普遍存在于地下水水源井中, 同时也是地下水真菌中的优势种类.

(3) 真菌的生长和常规水质指标 DO、pH、温度、浊度、铁、锰、TN、TP、氨氮、碱度、

COD、TOC 存在一定的相关性. 不同种属的真菌与环境变量的相关性并不相同. pH 值和温度和对镰刀菌属 (*Fusarium sp.*)、青霉属 (*Penicillium sp.*) 的生长相关性较大.

(4) 研究为地下水真菌污染控制提供了一定的理论依据.

## 参考文献 References

- [1] HAGESKAL G, LIMA N, SKAAR I. The study of fungi in drinking water [J]. *Mycological Research*, 2009, 113(2): 165-172.
- [2] GARRETT L. World health statistics 2008 [M]. Geneva: World Health Organization, 2009.
- [3] KANZLER D, BUZINA W, PAULITSCH A, et al. Occurrence and hygienic relevance of fungi in drinking water [J]. *Mycoses*, 2008, 51(2): 165-9.
- [4] PEREIRA V, FERNANDES D, CARVALHO G, et al. Assessment of the presence and dynamics of fungi in drinking water sources using cultural and molecular methods [J]. *Water Research*, 2010, 44(17): 4850-4859.
- [5] DOGGETT M S. Characterization of fungal biofilms within a municipal water distribution system [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(3): 1249-1251.
- [6] BUCHELI T D, WETTSTEIN F E, HARTMANN N, et al. *Fusarium* mycotoxins: overlooked aquatic micropollutants? [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2008, 56(3): 1029-1034.
- [7] 黄廷林, 赵建超, 文刚, 等. 臭氧-氯顺序灭活地下水水源水中真菌的效能 [J]. *环境工程学报*, 2016(10): 4691-4697.  
HUANG Tinglin, ZHAO Jianchao, WEN Gang, et al. Sequential inactivation of fungi in drinking groundwater by ozone and chlorine [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2016(10): 4691-4697.
- [8] 韩世忠, 高人, 马红亮, 等. 建瓯万木林自然保护区两种森林类型土壤真菌多样性 [J]. *生态学杂志*, 2015, 34(9): 2613-2620.  
HAN Shizhong, GAO Ren, MA Hongliang, et al. Soil fungal diversities of two types of forests in Jian'ou Wanmulin Nature Reserve [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2015, 34(9): 2613-2620.
- [9] 黄廷林, 邸诗雨, 张海涵, 等. 西安市典型景观水体水质与微生物种群结构多样性 [J]. *应用与环境生物学报*, 2014, 20(4): 697-703.  
HUANG Tinglin, DI Shiyu, ZHANG Haihan, et al. Water quality and diversity of microbial community structure of Xi'an typical scenic water bodies [J]. *Chinese Journal of Applied & Environmental Biology*,

- 2014, 20(4): 697-703.
- [10] AL-GABR H M, ZHENG T, YU X. Occurrence and quantification of fungi and detection of mycotoxigenic fungi in drinking water in Xiamen City, China[J]. Science of The Total Environment, 2013, 466 (467): 1103-1111.
- [11] ANAÏSSIE E J. Pathogenic molds (including *Aspergillus* species) in hospital water distribution systems: a 3-year prospective study and clinical implications for patients with hematologic malignancies [J]. Blood, 2003, 101(7): 2542-2546.
- [12] GÖTTLICH E, VAN DER LUBBE W, LANGE B, et al. Fungal flora in groundwater-derived public drinking water[J]. International Journal of Hygiene and Environmental Health, 2002, 205(4): 269-279.
- [13] LUO H F, QI H Y, XUE K, et al. A preliminary application of PCR-DGGE to study microbial diversity in soil [J]. Acta Ecologica Sinica, 2003, 23 (8): 1570-1575.
- [14] AMANN, RUDOLF, I., et al. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation[J]. Microbiological Reviews, 1995,
- [15] 孙宝盛, 张斌, 吴卿, 等. 应用 PCR-DGGE 技术解析 MBR 中微生物群落多样性[J]. 天津大学学报: 自然科学与工程技术版, 2008, 41(3): 356-361.
- SUN Baosheng, ZHANG Bin, WU Qing, et al. Application of PCR-DGGE to analysis of microbial community diversity in MBRs[J]. Journal of Tianjin University, 2008, 41(3): 356-361.
- [16] 王风芹, 侯淑芬, 谢慧, 等. 贾鲁河水体微生物菌群结构季节动态变迁研究[J]. 河南农业大学学报, 2012, 46(4): 438-441.
- WANG Fengqin, HOU Shufen, XIE Hui, et al. Research on seasonal dynamic change of microbial population structure in Jialu River [J]. Journal of Henan Agricultural University, 2012, 46(4): 438-441.
- [17] 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.
- XUAN Huaixian, AN Shuqin, SUN Qingye, et al. Diversity of aquatic fungi in different areas of Lake Taihu[J]. Journal of Lake Sciences, 2011, 23 (3): 469-478.
- [18] 张利兰. 自然湿地水体中微生物多样性的研究[D]. 新乡: 河南师范大学, 2011.
- ZHANG Lilan. Study on the microbial diversity in the water environments of natural wetland. [D]. Xinxiang: Henan Normal University, 2011.
- [19] 赵建超. 复合污染地下水供水系统中丝状真菌控制研究[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2016.
- ZHAO Jianchao. Study on the control of filamentous fungi in fomposite polluted groundwater supply system [D]. Xi'an: Xi'an Univ. of Arch. & Tech., 2016.
- [20] 王帅. 润洲终端采油废水活性污泥中微生物群落结构分析[D]. 桂林: 桂林理工大学, 2014.
- WANG Shuai. The analysis of microbial communities among activated sludge from terminal petroleum produced wastewater in Weizhou [D]. Guilin: Guilin University of Technology, 2014.
- [21] 邸诗雨. 典型微污染水体微生物种群结构及贫营养好氧反硝化细菌脱氮性能研究[D]. 西安: 西安建筑科技大学, 2014.
- DI Shiyu. Typical micro-polluted water and poor nutrition microbial community structure of aerobic denitrifying Bacteria denitrification performance [D]. Xi'an: Xi'an Univ. of Arch. & Tech., 2014.
- [22] WU Z L, GUO W Y, QIU J Z, et al. Cloning and localization of vip3A gene of *Bacillus thuringiensis* [J]. Biotechnology Letters, 2004, 26(18): 1425-1428.
- [23] 吴雪梅. 乌伊岭湿地水生真菌多样性的研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2010.
- WU Xuemei. Preliminary studies on diversity of freshwater fungi in wuyiling wetland [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2010.
- [24] GTTLICH E, LUBBE W V D, LANGE B, et al. Fungal flora in groundwater-derived public drinking water[J]. International Journal of Hygiene & Environmental Health, 2002, 205(4): 269-279.
- [25] MOH. AL-GABR H, YE C, ZHANG Y, et al. Effects of carbon, nitrogen and pH on the growth of *Aspergillus parasiticus* and aflatoxins production in water[J]. Journal of Environmental Biology, 2013, 34 (2spec.): 353-8.
- [26] FRIEDRICH V W, GÖBEL U B, ERKO S. Determination of microbial diversity in environmental samples: pitfalls of PCR-based rRNA analysis[J]. Fems Microbiology Reviews, 1997, (3): 213-229.
- [27] 接伟光, 蔡柏岩, 葛菁萍, 等. 黄檗丛枝菌根(AM)真菌 PCR-DGGE 条件研究[J]. 黑龙江大学(自然科学学报), 2008, 25(4): 534-538.
- JIE Weiguang, CAI Baiyan, GE Jingping, et al. Studies on PCR-denaturing gradient gel electrophoresis conditions of arbuscular mycorrhizal fungi of *Phellodendron amurense* Rupr. [J]. Journal of Natural Science of Heilongjiang University, 2008, 25 (4): 534-538.

(编辑 桂智刚)