Oceans：
黄海北部人工鱼礁区真菌群落结构初步研究
编辑荐读

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/40555.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

Oceans：黄海北部人工鱼礁区真菌群落结构初步研究 编辑荐读。论文标题：Preliminary Study on the Structure of Fungal Communities in Artificial Reef Areas in the Northern Yellow Sea

论文链接：https://www.mdpi.com/2673-1924/6/1/11

期刊名：Oceans

期刊主页：https://www.mdpi.com/journal/oceans

人工鱼礁建设是现代海洋牧场构建的核心生态工程，其核心目标是改善海洋栖息地质量、保护与增殖生物资源，为鱼类等水生生物提供适宜的觅食、繁殖、生长和庇护的栖息场所，进而实现渔业资源保护与可持续发展。目前人工鱼礁基础研究多聚焦于鱼礁材料、结构和水动力特性、生态效应评估及长期监测管理等宏观层面，针对礁区微生物群落结构及其功能的研究较为匮乏。海洋微生物是海洋生态系统的重要组成部分，在海洋物质循环、能量流动、维持生态系统多样性与稳定性中发挥关键作用，对地球生命演化具有重要意义。因此，深入了解人工礁区真菌群落结构的组成和动态模式，将有助于更好地了解人工礁中微生物群落结构与环境因素之间的相互作用。

大连海洋大学李青霞，闫佳敏等人在Oceans期刊发表了文章，以大连小长山岛海域人工鱼礁区为研究对象，开展了真菌群落结构、种类、多样性及影响理化因素的相关研究，旨在为海洋牧场建设对微生物群落结构和功能的影响提供科学依据。

研究过程与结果

材料与方法

样品采集

本研究于 2023 年 8 月 30 日在大连小长山岛东北部海域开展采样，研究设置三类采样区域：混凝土构件人工鱼礁区（Gn，3 个采样点）、石材人工鱼礁区（Sn，3
个采样点）、自然对照区（Cn，2 个采样点），共计 8 个采样点。

每个采样点同步采集底层海水与表层沉积物（0 – 10 cm）样品。海水样品采用 2 L 采水器采集，用于理化因子测定，转移至 2 L 无菌瓶中冰盒低温暂存；上岸后采用三重萃取过滤法进行处理，提取后的样品置于50 mL无菌离心管中，并于 – 80 ° C下保存，用于高通量测序。表层沉积物样品使用抓斗式采样器采集，每个采样站采集约1 kg沉积物，取 2 – 3 g 装入 50 mL 无菌离心管，其余样品置于无菌样品袋中保存待处理。离心管中的样品置于-80°C冰箱保存，用于高通量测序分析；无菌袋中的沉积物样品置于-20°C冰箱保存，用于沉积物理化性质测定。

环境因子测定

海水样品现场采用 YSI PRO DSS 多参数水质分析仪原位测定温度（T）、溶解氧（DO）、pH、盐度（Sal）。依据国家标准 GB 17378-2007，采用凯氏定氮法测定总氮（TN）、分光光度法测定总磷（TP）、重铬酸钾氧化还原容量法测定总有机碳（TOC）浓度。沉积物粒径采用 Mastersizer 3000 激光粒度分析仪测定沉积物粒径中值。

DNA 提取与 PCR 扩增

采用 E.Z.N.A.TM Mag-Bind 土壤DNA提取试剂盒提取 8 个海水样品与 8 个沉积物样品的总 DNA，通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 浓度与纯度。

使用引物ITS1-F（CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA）和ITS2-R（GCTGCGTTCTTCATCGATGC）扩增真菌18S rRNA基因的ITS区。所有PCR 产物均通过 2% 琼脂糖凝胶电泳检测进行检测，使用Qubit 3.0 荧光计定量文库浓度，在 Illumina MiSeq 2×300 bp 平台测序。

数据分析

测序原始数据经 Cutadapt 软件去除引物、按重叠区拼接、去条形码拆分样本，质控过滤获得有效序列。采用 Mothur 软件将 OTU 序列与 UNITE 数据库比对完成物种注释，基于 OTU 聚类结果，用 MUSCLE 软件计算 α 多样性指数（Chao1、ACE、Shannon、Simpson、测序深度）。采用 Tukey 检验分析沉积物真菌群落 α 多样性指数差异，利用R 软件中的UpsetR 包绘制 Venn 图，采用WGCNA、stats、ggplot2 包进行主成分分析（PCA），通过vegan 包进行相似性分析（ANOSIM）。采用基于距离的冗余分析（db?RDA）揭示真菌群落与环境因子的关系利用R软件中的psych 包计算真菌属与环境因子的 Pearson 相关系数，并通过pheatmap 包绘制相关性热图。

研究结果

海水与沉积物环境因子特征

海水环境因子：各站位水温差异较小，对照区 CW1 采样点水温最高（25.0°C）；溶解氧浓度范围 6.69 – 7.18 mg/L，SW2 采样点最高（7.18 mg/L），SW1 采样点最低（6.69 mg/L），其余采样点的溶解氧浓度相近，均在7.00 mg/L左右；盐度范围 27.30 – 28.47；pH 范围 7.80 – 8.03，GW3 采样点最高（8.03），GW1

采样点最低（7.80）。

沉积物环境因子：混凝土礁体区域沉积物 TP、TN、TOC 平均浓度显著高于对照区和石礁区；沉积物粒径中值表现为混凝礁体区域＜石礁区＜对照区，即人工鱼礁投放使沉积物颗粒细化。

真菌群落 α 与 β 多样性分析

本研究共获得 735 个真菌操作分类单元（OTU），隶属于 11 个门、374 个属；16 个样品共享 42 个 OTU（占总 OTU 的 5.71%），SW1 样品特有 OTU 数量最多（162 个）。

α 多样性结果显示，SW3、GW3、SS2 样品的 Shannon、Simpson 指数较高，真菌多样性更丰富；CS1 样品的 Chao1、ACE 指数显著较低，真菌多样性较低；SW3、GW3、CW1 样品的 Pielou 均匀度指数较高，群落分布更均匀；所有样品覆盖率均接近 1，表明测序深度基本覆盖了样本中的所有物种。

分组 α 多样性对比：石礁区沉积物（SS）的 ACE、Chao1、Shannon 指数最高，对照区沉积物（CS）最低；混凝土人工礁区海水（GW）α 多样性高于沉积物（GS），对照区海水样品组（CW）高于沉积物（CS）；石礁区则相反，沉积物样品组（SS）α 多样性高于海水样品组（SW）。

PCA 分析显示，水平和垂直主成分分别解释了 70.933%和27.596% 的群落差异，累计贡献率达 98.529%；各区域海水、沉积物样品组内相似度高，混凝土人工鱼礁区与对照区样品聚集度高、群落组成高度相似，部分石礁区样本与其他区域相对分散，表明石礁区与混凝土人工鱼礁区和对照区之间的相似性较低，且样本组成存在一些差异。相似性分析（ANOSIM）显示，GS 与 CS、GS 与 SS、SS 与 CS、SW 与 CW 组间差异小于组内差异（R＜0），其余组间差异大于组内差异（R＞0），但所有亚组间真菌群落差异均不显著（p＞0.05）。

真菌群落组成与结构

16 个样品共检测到 11 个真菌门，子囊菌门（Ascomycota）为海水与沉积物样品中最丰富的真菌门，相对丰度 29.72% – 95.01%（SS3样品除外）；仅 SS3 样品中担子菌门（Basidiomycota）丰度最高（89.94%），为第二优势门；被毛霉门（Mortierellomycota）为第三优势门，相对丰度 1.18% – 43.10%。Circos 分析显示，子囊菌门在海水样品中丰度高于沉积物，在礁区样品中的相对丰度高于对照区样品；担子菌门在石礁区样品中丰度最高；毛霉门在沉积物样品中丰度显著更高。

真菌群落与环境因子的关系

海水真菌群落 RDA 分析：RDA1和RDA2 分别解释了海水中环境因子与真菌群落关系累积变化的26.27%和17.38%；温度与 RDA1 呈正相关、与 RDA2 呈负相关；溶解氧（DO）和盐度（Sal）与 RDA1、RDA2 均呈负相关；pH 与 RDA1 呈正相关、与 RDA2 呈负相关；DO 与盐度是驱动海水真菌群落的核心因子，温度次之。Pearson 相关性分析显示，温度与 Mrakia 丰度存在显著正相关，pH 与 Knufia 丰度呈显著负相关，DO 与

Alternaria、Pisolithus、Graddonia、Inocybe 丰度呈显著负相关。

沉积物真菌群落 RDA 分析：RDA1和RDA2 分别解释了沉积物环境因子与真菌群落关系累积变化的22.87%和12.24%；总磷（TP）和总氮（TN）与 RDA1、RDA2 均呈正相关，总有机碳（TOC）与 RDA1 呈正相关、与 RDA2 呈负相关；粒径与 RDA1、RDA2 均呈负相关；对真菌群落影响最大的理化因子是TP，其次是TOC和TN。Pearson 相关性分析显示，粒径与 Dacrymyces、norank?Meruliaceae、Phaeosphaeria 丰度存在显著负相关，总有机碳（TOC） 与 Phaeosphaeria 丰度呈显著正相关，总氮与 Cryptodiscus 丰度呈显著负相关。

研究总结

本研究采用高通量测序技术，评估了北黄海人工礁区、混凝土构件礁区和对照区海水与沉积物真菌群落的结构及其与环境因子的关系。人工礁的布置表明其能够改善周围水域的生态环境。通过多样性分析和群落组成分析发现，人工礁的部署导致了其部署区域内特定真菌群落结构的形成。冗余分析（RDA）和分类学与环境之间的Pearson相关性分析表明，不同生境中真菌群落的结构和优势类群的组成会随环境因子的变化而变化。这项研究揭示了不同人工礁区真菌群落的差异以及影响真菌群落的主要环境因素，这对保护礁区生物多样性和评估人工鱼礁的生态效应具有重要意义。

Oceans 期刊介绍

主编： Prof. Dr. Beatriz Morales-Nin, Mediterranean Institute of Advanced Studies CSIC-UIB, Spain

期刊主题涵盖海洋地质，海洋气候和气象学，古海洋学，海洋环流，海洋化学和生物地球化学，海洋生态学与生物学，海洋资源 (如渔业、水产养殖和采矿)，海洋工程，海洋建模，海洋治理，业务海洋学，沿海的研究，深海研究等。

2025 Impact Factor 2.5 2025 CiteScore 2.6 Time to First Decision 35 Days Acceptance to Publication 8.6 Days
来源：Oceans

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发