



云南纳帕海高原湿地水体酵母菌多样性及其与理化因子的相关性

况利沙^{1,2}, 王海雁^{1,2,3}, 雷洪涛^{1,2}, 马跃强^{1,2}, 韩荣琳^{1,2}, 王留英^{1,2}, 陈根^{1,2}, 王永霞^{1,2}, 赖泳红^{1,2}, 李治滢^{1,2*}

1 云南大学 云南省微生物研究所, 云南 昆明 650504

2 西南微生物多样性教育部重点实验室, 云南 昆明 650504

3 玉林市林业科学研究所, 广西 玉林 537501

况利沙, 王海雁, 雷洪涛, 马跃强, 韩荣琳, 王留英, 陈根, 王永霞, 赖泳红, 李治滢. 云南纳帕海高原湿地水体酵母菌多样性及其与理化因子的相关性[J]. 微生物学报, 2024, 64(6): 1779-1799.

KUANG Lisha, WANG Haiyan, LEI Hongtao, MA Yueqiang, HAN Ronglin, WANG Liuying, CHEN Gen, WANG Yongxia, LAI Yonghong, LI Zhiying. Yeast diversity in water bodies and its correlations with physicochemical factors of Napahai plateau wetland, Yunnan Province[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(6): 1779-1799.

摘要: 【目的】研究纳帕海水体酵母菌的种群多样性、空间分布特征及其与理化因子的相关性。

【方法】采用醋酸纤维素滤膜过滤平置培养方法, 分离纳帕海水体酵母菌; 利用 26S rRNA D1/D2 区域序列分析和形态特征对分离得到的酵母菌进行分类鉴定; 运用 R 4.2.2 和 Canoco 5 软件分析纳帕海水体酵母菌的多样性及其与理化因子的相关性。【结果】从纳帕海高原湿地水体中共分离获得 565 株酵母菌, 鉴定为 21 个属, 36 个种。优势种为胶红酵母(*Rhodotorula mucilaginosa*)、季也蒙迈耶氏酵母(*Meyerozyma guilliermondii*)以及禾本红酵母(*Rhodotorula graminis*)。总氮是影响纳帕海高原湿地水体酵母菌种群数量的主要理化因子, 与酵母菌种群数量呈显著性负相关。【结论】纳帕海水体酵母菌资源比较丰富且存在明显的空间异质性, 人类活动和总氮对纳帕海水体酵母菌数量分布影响较大。纳帕海高原湿地水体酵母菌的群落组成与其他高原淡水湖泊具有较大差异, 与其他高原水环境相比, 纳帕海高原湿地具有独特的酵母菌资源, 有待进一步研究。

关键词: 纳帕海高原湿地; 酵母菌; 多样性; 理化因子

资助项目: 国家自然科学基金(31160006); 云南省重大科技专项(生物资源数字化开发应用) (202002AA100007)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (31160006) and the Major Science and Technology Special Project of Yunnan Province (Digital Development and Application of Biological Resources) (202002AA100007).

*Corresponding author. E-mail: zyli@ynu.edu.cn

Received: 2023-11-19; Accepted: 2024-02-04; Published online: 2024-03-12

Yeast diversity in water bodies and its correlations with physicochemical factors of Napahai plateau wetland, Yunnan Province

KUANG Lisha^{1,2}, WANG Haiyan^{1,2,3}, LEI Hongtao^{1,2}, MA Yueqiang^{1,2}, HAN Ronglin^{1,2}, WANG Liuying^{1,2}, CHEN Gen^{1,2}, WANG Yongxia^{1,2}, LAI Yonghong^{1,2}, LI Zhiying^{1,2*}

1 Yunnan Institute of Microbiology, Yunnan University, Kunming 650504, Yunnan, China

2 The Key Laboratory for Southwest Microbial Diversity of the Ministry of Education, Kunming 650504, Yunnan, China

3 Yulin Forestry Science Research Institute, Yulin 537501, Guangxi, China

Abstract: [Objective] To study the population diversity, spatial distribution characteristics, and correlations with physicochemical factors of yeasts in the Napahai plateau wetland. **[Methods]** Yeast strains were isolated from the water samples of the Napahai plateau wetland by membrane filtration and plate culture. The strains were identified based on the D1/D2 sequences of the 26S rRNA gene and morphological characteristics. R 4.2.2 and Canoco 5 were used to analyze the yeast diversity and its correlations with physicochemical factors. **[Results]** A total of 565 yeast strains were isolated from the water bodies in the Napahai plateau wetland and identified as 36 species of 21 genera. The dominant species were *Rhodotorula mucilaginosa*, *Meyerozyma guilliermondii*, and *Rhodotorula graminis*. Total nitrogen was the main physicochemical factor affecting the yeast count, which presented a negative correlation. **[Conclusion]** The water bodies of Napahai plateau wetland harbor abundant yeast resources which present significant spatial heterogeneity. Human activities and total nitrogen have significant impacts on the yeast count. The yeast community composition in the water bodies of the Napahai plateau wetland is significantly different from that in other plateau freshwater lakes and has unique yeast resources that require further research.

Keywords: Napahai plateau wetland; yeasts; diversity; physicochemical factors

酵母菌广泛存在于自然界中，比如土壤、水体、植物^[1-2]、南极海洋^[3]、南极深海沉积物^[4]、南极土壤^[5]、北极冰川^[6]、南极冰川^[7]和岩石^[8]等。近年来，国内对于高原淡水酵母菌多样性的研究主要集中在云南^[9-17]和西藏^[18-19]，表明高原淡水湖泊酵母菌具有较高的研究价值。在国外，Russo 等^[20]研究了阿根廷的 Rio Agrio-Lake Caviahue 火山酸性水体(pH 1.8–6.7)的酵母多样性；Brizzio 等^[21]在阿根廷 Patagonia 西北部的

冰川分离出担子菌酵母并对其细胞外酶活性进行了研究；Brandão 等^[22]在巴西东南部的 3 个湖泊中研究了在 37 °C 环境下生长的酵母菌的多样性、抗真菌性和抗药性；Branda 等^[23]对意大利 Calderone Glacier 冰川中的酵母菌多样性进行了探究。

纳帕海湿地具有低纬度、高海拔、季节性、强紫外线和半封闭性等特点，是我国唯一独特的湿地，地处迪庆藏族自治州香格里拉市境内，坐标位

于 27°48'36"–27°54'27"N, 99°37'12"–99°40'30"E, 与青藏高原相连^[24], 于 2005 年被批准纳入到国际重要湿地名录。纳帕海高原湿地与周围具有丰富物种的森林植被形成湿地生态系统, 由草甸、沼泽、水面和湖周森林构成的喀斯特型季节性沼泽湿地, 孤立而分散, 湿地之间没有水道相通。近年来, 有研究者对纳帕海高原湿地微生物多样性及其与理化因子相关性进行研究^[25], 通过宏基因组研究纳帕海高原湿地微生物群落多样性, 并对其固碳途径、氮代谢途径、病毒种群结构模式和病毒基因组中辅助代谢基因进行了初步分析^[26-27], 还有研究者对纳帕海高原湿地浮游病毒^[28]和噬菌体进行了相关研究^[29-30]。

本研究旨在探究纳帕海高原湿地水体酵母菌的结构组成、空间分布特征及其与理化因子的相关性; 探究人类活动对纳帕海高原湿地酵母菌群落的影响以及酵母菌在该生态系统中扮演的角色, 并为纳帕海高原湿地酵母菌作为纳帕海水体评价的潜在生物指示器提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 样品采集

2022 年 6 月 15 日在纳帕海 27°48'36"–27°54'27"N, 99°37'12"–99°40'30"E 范围内沿着湖边采集 11 个水体样品, 并记录每个样点的经纬度、海拔高度和生境信息(表 1)。水样的采集选择采水器在水表面下深度约 10–50 cm 进行水样收集, 每个水样点共采集 5 L, 分装成 2 份储存在 2 个无菌水桶中。1 份用于酵母菌的分离, 1 份进行理化因子指标的测定。

1.1.2 主要仪器

AlphaTM Unit Block Assembly for DNA Engine[®] Systems, Bio-Rad 公司; 电热恒温鼓风干燥箱, 上海跃进医疗器械有限公司(HENGZI); 灭菌锅, SANYO 公司; 隔水式电热恒温培养箱, 上海新诺仪器集团有限公司; 小型高速离心机, ThermoFisher Scientific 公司; 小型电泳仪, Bio-Rad 公司; 凝胶成像仪, Syngene 公司。

表 1 纳帕海采样点基本情况

Table 1 Basic data of sampling points in the Napahai

Sites	Longitude	Latitude	Altitude (m)	Overview of the surrounding environment of the sampling point
WA02	99°39'49"E	27°52'55"N	3 283.30	It's a tourist area and a racecourse, with a large number of tourists
WA03	99°38'27"E	27°53'48"N	3 273.20	It's a tourist area
WA04	99°38'9"E	27°54'8"N	3 284.60	It's a mountainous area, and far from where people live
WA05	99°37'52"E	27°54'26"N	3 285.80	It's a place where few people live, and there is foam in the water
WA06	99°37'43"E	27°54'18"N	3 285.69	It's a planted forest, and far from where people live
WA07	99°37'48"E	27°53'50"N	3 274.55	It's a natural pine forest, and far from where people live
WA08	99°37'43"E	27°53'36"N	3 272.30	It's the mouth of the Naqu River, and far from where people live
WA09	99°37'26"E	27°53'53"N	3 272.30	It's the cape of Napahai, with poor water mobility and mostly stagnant water, and there are people living nearby
WA10	99°37'17"E	27°53'8"N	3 272.30	It's a spring hole in the water, with mountain spring water emerging, and far from the place where people live
WA11	99°37'52"E	27°51'43"N	3 272.30	There are many emergent plants in the water, and far from where people live
WA12	99°38'4"E	27°49'59"N	3 283.30	It's a place with a large number of aquatic plants, and close to where people gather

1.1.3 培养基

培养基的配制参考李治滢等^[13]和周新丽等^[14]的方法,并稍作改动(将培养基中的水换成纳帕海水)。

1.2 酵母菌的分离

使用孔径 0.45 μm , 直径 50 mm 的醋酸纤维素滤膜对水样进行过滤,每个水样过滤 36 次,每次过滤 50 mL,共过滤 1 800 mL。分别平置于 12 个酸化 YM 培养基、含氯霉素的 RBCH 培养基、酸化马铃薯葡萄糖琼脂(potato dextrose agar, PDA)培养基平皿上,并置于室温培养。培养 2–4 d 后计算酵母菌的数量,挑取生长的酵母菌于常规 YM 平板培养基上进行划线纯化培养,得到的酵母菌转接到 YM 斜面保存留用。酵母菌数量 CFU (个/L)=(酵母菌数量平均值/过滤水量) \times 1 L。

1.3 形态观察、DNA 的提取和 26S rRNA D1/D2 区域的扩增

对分离获得的酵母菌进行形态观察^[31]、DNA 的提取和 26S rRNA D1/D2 区域的扩增^[32–33]。扩增引物序列: NL1 (5'-GCATATCAATAAGCG GAGGAAAAG-3')和 NL4 (5'-GGTCCGTGTTT CAAGACGG-3')。扩增产物送至生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序。

1.4 鉴定

结合酵母菌的形态特征和 26S rRNA D1/D2 区域序列分析和构建的系统发育树,参照文献[31,34–35]对分离获得的酵母菌进行分类鉴定。

1.5 序列分析和系统发育树的构建

对酵母菌的 26S rRNA D1/D2 区域进行序列分析^[36]。采用 DNASTar 软件对酵母测序所得到的 26S rRNA D1/D2 序列进行人工校对,在 GenBank 核酸序列数据库中进行同源序列搜索(BLAST search),采用 MEGA 11.0 软件的邻接法进行系统发育树分析^[37–39],使用 Kimuran

2-parameter distance 模型及 neighbour-joining 方法构建系统发育树,bootstrap 值的计算分析根据 1 000 次随机抽样进行,得到酵母菌系统进化树。

1.6 理化指标测定

测定水样的 pH、温度(temperature, Temp)、浊度(turbidity, Turb)、总磷(total phosphorus, TP)、总氮(total nitrogen, TN)、总有机碳(total organic carbon, TOC)、总硬度(total hardness, TH)和电导率(electrical conductivity, EC)等指标。温度指标使用温度计在采样现场进行测定;浊度指标使用浊度仪(Eutech Instruments Pte Ltd.)在实验室进行测定,重复 3 次并取其平均值。其余指标委托“昆明绿岛环境科技有限公司”检测。

1.7 数据分析

采用出现频率(frequency of occurrence, OF)比较酵母菌在各样点分布,OF=酵母菌种群出现的样点数/总样点数 \times 100;分离频率(IF)比较判断酵母菌的优势类群,IF=某一酵母菌种群的菌株获得数/分离到的总酵母菌的菌株数 \times 100。通过生物统计原理计算酵母菌的 Simpson index、Shannon-Weiner index、Richness evenness、Pielou evenness、Chao1 value。利用 R 4.2.2 进行 jaccard 相似度指数和 Spearman 相关性系数的分析以及绘制相关图片。使用 Canoco 5 软件对酵母菌类群分布与环境理化因子进行主成分分析(principal component analysis, PCA)。

2 结果与分析

2.1 纳帕海高原湿地水体酵母菌的多样性

2.1.1 纳帕海高原湿地水体酵母菌的种群组成

从纳帕海高原湿地的 11 个水体样品中共分离获得 565 株酵母菌。将已鉴定的酵母菌 26S rRNA D1/D2 区域序列上传 GenBank 获取菌株登录号

(OR083772–OR083835, OR917881–OR917889)。结合酵母菌的形态特征和 26S rRNA D1/D2 区域的序列分析, 将分离获得的酵母菌分类鉴定为 21 个属, 36 个种(表 2), 并对 CFU 进行了统计。选择 36 个种的代表菌株与相应模式菌株的 26S rRNA D1/D2 区域序列构建系统进化树。

如图 1 所示, 纳帕海高原湿地水体酵母菌由子囊菌酵母和担子菌酵母两大类群组成。由表 2 可知, 水体中的子囊菌酵母共有 166 株, 归 8 个属 12 个种; 担子菌酵母有 399 株, 归 13 个属 24 个种; 未分离获得类酵母。在纳帕海高原湿地所有水体样点中均分离到子囊菌酵母和担子菌酵母, 其中担子菌酵母为主要类群。

在纳帕海高原湿地水体酵母菌的种群结构中, *Naganishia* 属有 4 个种; 假丝酵母属(*Candida*)、维希尼克氏酵母属(*Vishniacozyma*)

和红酵母属(*Rhodotorula*)分别有 3 个种; 耶氏酵母属(*Yarrowia*)、地霉属(*Geotrichum*)、黑粉菌属(*Ustilago*)、*Papiliotrema*、囊担菌属(*Cystobasidium*)以及线黑粉酵母属(*Filobasidium*)分别得到 2 个种; 迈耶氏酵母属(*Meyerozyma*)、*Kurtzmaniella* 以及路德酵母属(*Lodderomyces*)等共 11 个属仅分别分离得到 1 个种。其中 *Rhodotorula* 属的 3 个种分离株数高达 261 株, 分离频率(IF)为 46.20%, 为纳帕海高原湿地水体酵母菌优势属; 其次是 *Meyerozyma* 属, 该属仅有 1 种, 但分离株数达到 102 株, IF 为 18.05%。纳帕海高原湿地水体酵母菌的优势种为胶红酵母(*Rhodotorula mucilaginosa*) (IF=33.63%)、季也蒙迈耶氏酵母(*Meyerozyma guilliermondii*) (IF=18.05%)和禾本红酵母(*Rhodotorula graminis*) (IF=12.04%)为; 解脂耶罗维亚酵母(*Yarrowia*

表 2 纳帕海高原湿地水体酵母菌种群的分布

Table 2 Distribution of yeasts in water from Napahai plateau wetland

Species	Sampling sites											Subtotal	OF (%)	IF (%)
	WA02	WA03	WA04	WA05	WA06	WA07	WA08	WA09	WA10	WA11	WA12			
<i>Ascomycetous</i>														
<i>Barnettozyma californica</i>	2	1										3	18.18	0.35
<i>Candida pseudointermedia</i>	1	1	1									3	27.27	0.53
<i>Candida tropicalis</i>	1	2										3	18.18	0.53
<i>Candida zeylanoides</i>	6											6	9.10	1.06
<i>Debaryomyces fabryi</i>	1											1	9.10	0.18
<i>Geotrichum bryndzae</i>					6			1				7	18.18	1.24
<i>Geotrichum silvicola</i>				1				2	1			4	27.27	0.71
<i>Kurtzmaniella quercitrusa</i>						1	2					3	18.18	0.53
<i>Lodderomyces elongisporus</i>		3							2	2	14	21	36.36	3.72
<i>Meyerozyma guilliermondii</i>		27	1	1	1	17	23	31		1		102	72.73	18.05
<i>Yarrowia lipolytica</i>			1									1	9.10	0.18

(待续)

(续表 2)

Species	Sampling sites											Subtotal	OF (%)	IF (%)
	WA02	WA03	WA04	WA05	WA06	WA07	WA08	WA09	WA10	WA11	WA12			
<i>Yarrowia osloensis</i>	10	2										12	18.18	1.95
<i>Basidiomycetous</i>														
<i>Apiotrichum laibachii</i>					5			1				6	18.18	1.06
<i>Cutaneotrichosporon dermatis</i>			4									6	18.18	1.06
<i>Cystobasidium lysinophilum</i>			4									4	9.10	0.71
<i>Cystobasidium slooffiae</i>			5		1							6	18.18	1.06
<i>Cystofilobasidium infirmominiatum</i>			1									1	9.10	0.18
<i>Filobasidium magnum</i>		1		1								2	18.18	0.35
<i>Filobasidium wieringae</i>				1								1	9.10	0.18
<i>Hannaella luteola</i>						3						3	9.10	0.53
<i>Meira nashicola</i>	2	4	7	3	3			2				21	54.55	3.72
<i>Moesziomyces aphidis</i>						13	8	10				31	27.27	5.49
<i>Naganishia adeliensis</i>			1									1	9.10	0.18
<i>Naganishia albida</i>	1	1	2						1	4		9	45.45	1.59
<i>Naganishia cerealis</i>										1		1	9.10	0.18
<i>Naganishia diffluens</i>								1		1		2	18.18	0.35
<i>Papiliotrema aspenensis</i>			1			1	17	6				25	36.36	4.42
<i>Papiliotrema flavescens</i>		7					3	2				12	27.27	2.48
<i>Rhodotorula graminis</i>	5	4	5	20	7	7	4	11	1	4		68	90.91	12.04
<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	26	20	13	4	17	12	20	19	18	9	32	190	100.0	33.63
<i>Rhodotorula toruloides</i>							1	2				3	18.18	0.53
<i>Ustilago filiformis</i>			1									1	9.10	0.18
<i>Ustilago longissima</i>			1									1	9.10	0.18
<i>Vishniacozyma carnescens</i>			2									2	9.10	0.35
<i>Vishniacozyma taibaiensis</i>			2									2	9.10	0.35
<i>Vishniacozyma victoriae</i>			1									1	9.10	0.18
Total	57	73	53	31	35	59	78	88	23	22	46	565		
CFU (units/L)	3 100	3 800	700	200	615	7 243	8 472	8 372	3 143	2 529	6 586	3 100		

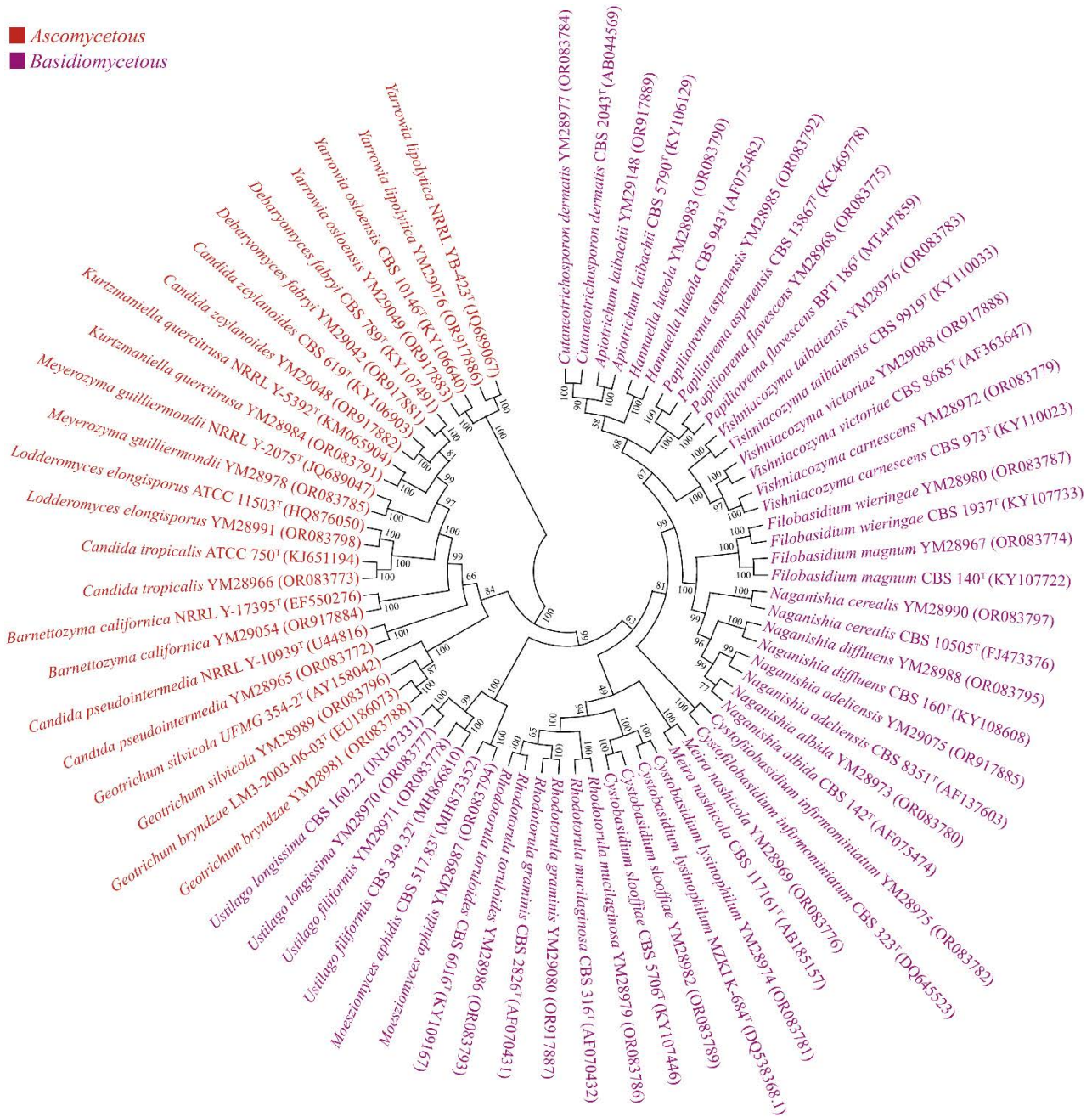


图 1 纳帕海高原湿地水体酵母菌的系统发育树

Figure 1 Phylogenetic tree of yeasts in water from Napahai plateau wetland. Phylogenetic tree drawn from neighbor-joining analysis based on the D1/D2 region sequence of 26S rRNA gene. Numbers in parentheses are GenBank accession numbers; Numbers at the nodes are bootstrap values obtained after 1 000 replicates, and bootstrap values higher than 50% are shown.

lipolytica)、维多利亚维希尼克氏酵母(*Vishniacozyma victoriae*)、威林格氏线黑粉菌(*Filobasidium wieringae*)等 9 个种分别仅得到 1 株, IF 仅分别

为 0.18%。分析其出现频率可知, *Rhodotorula mucilaginosa* 出现频率最高(OF=100.00%), 所有样点均有出现; 其次为 *Rhodotorula graninis*、

Meyerozyma guilliermondii 以及 *Meira nashicola* 的 OF 分别为 90.91%、72.73%、54.55%；而微黄汉纳酵母(*Hannaella luteola*)、*Vishniacozyma victoriae*、*Cystobasidium lysinophilum* 等 14 个种仅在 1 个样点被分离得到，OF 分别为 9.10%。在纳帕海高原湿地水体酵母菌数量中，纳曲河河口 WA08 样点酵母菌数量最多，CFU 为 8 472 个/L；其次是靠近人为居住地的死水处 WA09 样点，CFU 为 8 372 个/L；而人员居住少、远离人员居住地和水中植物少的 WA05、WA06 和 WA04 样点的 CFU 少，分别为 200、615 和 700 个/L。

2.1.2 纳帕海高原湿地酵母菌的相似性分析

对纳帕海高原湿地各个水体样点酵母菌的 Jaccard 相似性进行了分析(表 3)。从表 3 数据得知，纳帕海高原湿地水体酵母菌的种群相似系数范围 0.05–0.57；同为旅游区的 WA02 样点和 WA03 样点达到中等相似(0.50–0.75)，占比为 1.82%；有大量游客的 WA02 样点和远离人员居住地的 WA04、WA10 样点等 22 组样点间相似度为中度不相似(0.25–0.50)，比例为 40.00%；32 组样点为极度不相似(0.00–0.25)，比例为 58.18%，其中有 3 组样点酵母菌 Jaccard 相似系数范围为 0.00–0.10。总而言之，纳帕

海高原湿地水体各样点酵母菌在种水平上分布存在较大的差异。

WA02 样点和 WA03 样点达到中度相似，这两个样点都是处于旅游区附近，受到较多的人为活动干扰。所有样点间均未出现相似度为 0 的情况，远离人员居住地且临山的 WA04 和靠近人员居住地且水中植物较多的 WA12 的相似度最低，为 0.05，这两个样点间不仅距离较远，且生境也相差颇大。除此之外，WA12 样点与每一个样点的相似度皆为最低，WA12 号样点距离所有样点都比较远，且 WA12 样点具有独特的水体生境，较多的水生植物且大部分为浮水植物。然而，相较于其他样点，以挺水植物为主的 WA11 样点同样具有较多的水生植物，因此差异性较小。

2.1.3 纳帕海高原湿地酵母菌多样性指数分析

使用 R 4.2.2 计算纳帕海高原湿地水体酵母菌的多样性指数。如图 2 所示，WA04、WA03 和 WA09 样点总丰度最高，其次是 WA07 和 WA11 样点。多样性指数表明，WA04 样点 Shannon-Wiener 多样性指数最高，其次是 WA09、WA03、WA11、WA07 和 WA02 样点，WA10 和 WA12 样点 Shannon-Wiener 多样性指数最低；

表 3 纳帕海高原湿地水体酵母菌种群的 Jaccard 相似度系数

Table 3 Jaccard coefficient of yeasts in water from Napahai plateau wetland

Sites	WA02	WA03	WA04	WA05	WA06	WA07	WA08	WA09	WA10	WA11	WA12
WA02	1										
WA03	0.57	1									
WA04	0.27	0.25	1								
WA05	0.21	0.36	0.19	1							
WA06	0.23	0.29	0.26	0.44	1						
WA07	0.13	0.18	0.18	0.25	0.27	1					
WA08	0.20	0.18	0.13	0.15	0.17	0.45	1				
WA09	0.16	0.26	0.20	0.36	0.38	0.43	0.43	1			
WA10	0.25	0.31	0.15	0.33	0.22	0.18	0.18	0.21	1		
WA11	0.20	0.43	0.18	0.25	0.27	0.23	0.23	0.33	0.44	1	
WA12	0.09	0.17	0.05	0.13	0.14	0.11	0.11	0.08	0.40	0.25	1

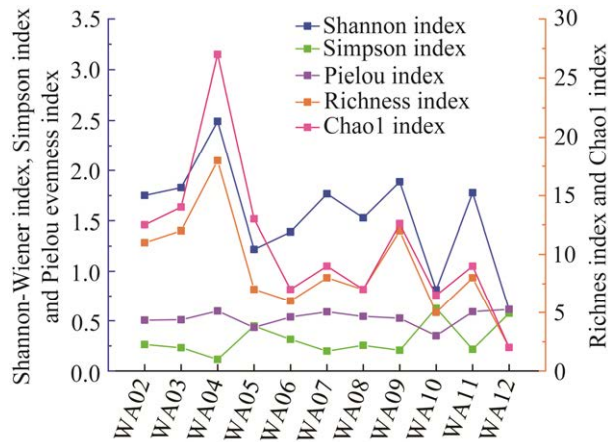


图 2 纳帕海高原湿地酵母菌多样性指数双 y 图
Figure 2 Double y diagram of diversity index of yeasts in the Napahai plateau wetland.

Simpson 多样性指数分析结果中, WA04 样点指数最低, 其次是 WA07、WA09、WA11、WA03 以及 WA02 样点的偏低, WA10 和 WA12 样点的最高。可以进一步观察得出, Shannon-Wiener 多样性指数和 Simpson 多样性指数趋势相反, Shannon-Wiener 和 Richness 丰富度指数以及 Chao1 多样性指数趋势基本一致。这 4 个指数综合分析表明, 在纳帕海高原湿地水体中, 远

离人类活动的山区 WA04 样点分离得到的酵母菌丰富度和多样性最高, 人为活动干扰较大的 WA03、人为干扰较小的天然松林 WA07、人为干扰较大的死水区 WA09 以及水生植物丰富且挺水植物居多的 WA11 样点丰富度和多样性偏高, 位于乔木灌木林旁边的 WA10 和水生植物丰富且浮水植物居多的 WA12 样点分离得到的酵母菌丰富度和多样性最低。Pielou 均匀度指数的趋势则不相同, 在纳帕海高原湿地水体中, WA12 号样点分离到的酵母菌菌株分布最均匀, 其次是 WA07、WA11 和 WA04 样点, 而 WA10 样点中分离到的酵母菌菌株则最不均匀。

2.2 纳帕海高原湿地酵母菌多样性与理化因子的相关性

2.2.1 纳帕海高原湿地水体理化因子差异性分析

为揭示纳帕海高原湿地酵母菌的多样性和空间分布特征及其与理化因子之间的相关性, 探讨人类活动对纳帕海高原湿地酵母菌的影响以及酵母菌在该生态系统中扮演的角色。测定了纳帕海高原湿地水体 8 个理化指标数据(表 4)。

表 4 纳帕海高原湿地水体的理化因子

Table 4 Physicochemical factors of water in the Napahai plateau wetland

Sites	T/°C	Turb	pH	TP (mg/L)	TN (mg/L)	TOC (mg/L)	TH (mg/L)	EC (μS/cm)
WA02	11.0c	7.01bc	7.67c	0.06bc	0.99b	30.73c	189.00ab	343.00aab
WA03	15.0ab	6.51bc	7.90b	0.06bc	0.75bc	37.97bc	131.00b	257.00bc
WA04	16.0a	26.77ab	7.90b	0.09b	1.02ab	39.93ab	134.33ab	274.00b
WA05	16.0a	12.61ab	7.80bc	0.26a	2.06a	42.87ab	132.00ab	289.33ab
WA06	16.0a	34.07a	7.90b	0.14ab	1.29ab	40.63ab	136.00ab	283.00ab
WA07	16.0a	13.01ab	7.90b	0.11ab	0.97bc	41.07ab	124.33bc	279.33ab
WA08	16.0a	8.05b	8.00ab	0.07bc	0.71bc	38.07bc	127.00bc	277.00ab
WA09	16.0a	12.71ab	8.07ab	0.13ab	0.69bc	39.63bc	144.00ab	273.00bc
WA10	15.0ab	6.25bc	8.10a	0.10ab	0.56c	39.70b	117.00bc	267.33bc
WA11	15.0ab	4.30c	8.10a	0.06c	0.77bc	35.80bc	115.33c	251.00c
WA12	14.5b	21.90ab	7.90b	0.10ab	1.13ab	70.60a	228.00a	465.00a

The letters in the table indicate size and significant differences: "a" is the largest, "ab" is the second largest, and decreases in sequence from beginning to end; There is a significant difference between "a" "b" and "c", with a *P*-value of <0.05. "ab" indicates that there is no significant difference between "a" and "b", while "bc" indicates that there is no significant difference between "b" and "c", but there is a significant difference between "a" and "ab", and so on.

由表 4 可以看出, 纳帕海高原湿地 11 个水样中, 理化因子存在不同程度的差异。各个样点的水温为 11.0–16.0 °C, 其中 WA02 样点水温最低, 为 11.0 °C, WA04–WA09 样点温度最高, 均为 16.0 °C, 除 WA02 样点与 WA12 样点, 其余样点间均不存在显著差异性($P>0.05$); 水体浊度为 4.30–34.07, 具有较多挺水植物且远离人员居住地的 WA11 样点最低, 为 4.30, 位于人工林旁 WA06 样点最高, 为 34.07; pH 为 7.67–8.10, 其中 WA02 样点最低, 为 7.67, WA10 和 WA11 样点最高, 均为 8.10; TP 为 0.06–0.26 mg/L, 其中具有较多挺水植物且远离人员居住地的 WA11 样点最低, 为 0.06 mg/L, 水中有泡沫的 WA05 样点最高, 为 0.26 mg/L; TN 为 0.56–2.06 mg/L, 其中有山泉水冒出的 WA10 样点最低, 为 0.56 mg/L, 水中有泡沫的 WA05 样点最高, 为 2.06 mg/L; TOC 为 30.73–70.60 mg/L, 其中无植物生长 WA02 样点最低, 为 30.73 mg/L, 靠近人员聚集地具有较多的水生植物 WA12 样点最高, 为 70.60 mg/L; TH 为 115.33–228.00 mg/L, 其中具有较多挺水植物且远离人员居住地的 WA11 样点最低, 为 115.33 mg/L, 靠近人员聚集地具有较多的水生植物 WA12 样点最高, 为 228.00 mg/L; EC 为 251.00–465.00 $\mu\text{S}/\text{cm}$, 具有较多挺水植物且远离人员居住地的 WA11 样点最低, 为 251.00 $\mu\text{S}/\text{cm}$, 靠近人员聚集地具有较多的水生植物的 WA12 样点最高, 为 465.00 $\mu\text{S}/\text{cm}$ 。

2.2.2 纳帕海高原湿地水体样品酵母菌多样性与理化因子之间的相关性分析

为探究纳帕海高原湿地水体酵母菌的多样性和空间分布特征及其与理化因子之间的相关性, 对纳帕海高原湿地 11 个水样的 CFU、物种数(species)、Shannon-Winner 多样性指数、Simpson 多样性指数、Pielou 均匀度指数、

Richness 丰富度指数、Chao1 指数以及理化因子进行 Spearman 相关性分析(图 3)。物种数与 Shannon-Winner 多样性指数、Richness 丰富度指数、Chao1 指数均存在极其显著的正相关性(极其显著 $P<0.001$, 下同), 与 Simpson 多样性指数呈极其显著负相关, 其余多样性指数之间也存在一定的关联性, 这与多样性分析的结果一致。CFU 与总氮呈现显著负相关(显著 $P<0.05$, 下同), 相关系数为-0.59; 浊度与总磷以及总有机碳之间呈现极显著正相关(极显著 $P<0.01$, 下同), 相关系数分别为 0.63、0.67, 与总氮之间呈现显著正相关, 相关系数为 0.62; pH 与总氮以及电导率之间呈现极其显著负相关, 相关指数分别为-0.73 和-0.70; 总磷和总有机碳之间呈现极其显著正相关, 相关系数为 0.79, 与浊度和温度都呈现出正相关关系; 电导率与总氮以及总硬度之间呈现极显著正相关, 相关系数分别为 0.65 和 0.66, 与 pH 之间呈现负相关; 其他参数间则没有明显相关性。酵母菌多样性和理化因子之间的 Spearman 相关系数表明, Species、Shannon-Winner 多样性指数以及 Richness 丰富度指数与总磷、总有机碳、总氮和电导率之间都呈现出负相关关系。有研究表明, 水质越清洁多样性越丰富^[40], 有机质含量越多, 富营养化程度越重, 越污染, 多样性越少^[41]。这与本次实验结果一致。Spearman 相关性分析表明, 酵母菌数量与总氮之间呈现负相关, 总氮会影响纳帕海水体酵母菌的数量, 多样性与环境理化因子之间呈现负相关。

2.2.3 纳帕海高原湿地酵母菌多样性与理化因子之间的 PCA 分析

使用 Canoco 5 软件进行 PCA 分析。确定合适的响应模型之前, 对采样点和数据进行去趋势对应分析(detrended correspondence analysis, DCA)。如图 4A 所示, 对纳帕海高原湿地水体

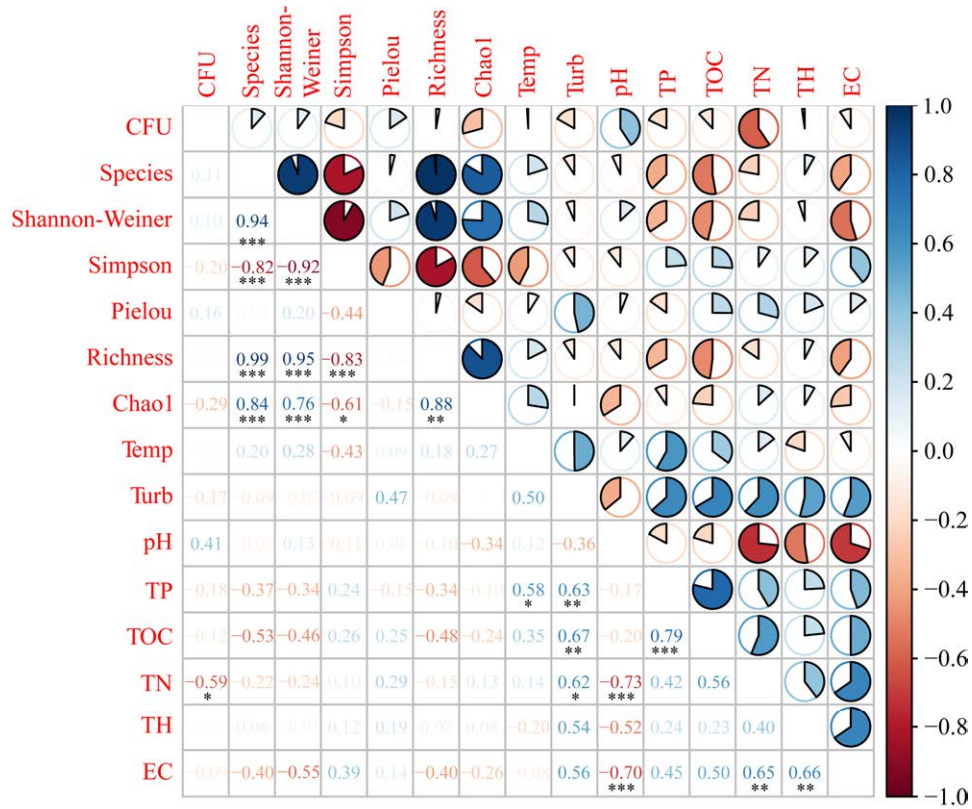


图 3 纳帕海高原湿地水体酵母菌 CFU、物种数、多样性指数及理化因子之间的 Spearman 相关性分析
 Figure 3 Spearman correlation analysis between CFU, species number, diversity index, and physicochemical factors of water in the Napahai plateau wetland. *: $P < 0.05$, significant correlation; **: $P < 0.01$, extremely significant correlation; ***: $P < 0.001$, very extremely significant correlation; the ordinate on the right indicates that the darker the color, the larger the value of the correlation coefficient; Blue and red represent positive correlation and negative correlation, respectively; The area of the circle indicates the strength of the correlation, the larger the area of a circle, the greater the correlation, and vice versa, the smaller the correlation; the matrix numbers in the lower left corner represent the correlation coefficient.

样点多样性与理化因子之间进行 DCA 分析, 显示第一排序轴的梯度长度值大小为 0.39, 该值小于 4.00, 选用非线性排序中的 PCA 来分析, 结果显示第一主成分对响应变量的解释度是 58.22%, 第二主成分对响应变量的解释度为 86.58%。如图 4B 所示, 对纳帕海高原湿地水体样点种群与理化因子之间进行 DCA 分析, 显示第一排序轴的梯度长度值大小为 1.27, 该值小于 4.00, 选用非线性排序中的 PCA 来分析, 结果显示第一主成分对响应变量的解释度是

49.88%, 第二主成分对响应变量的解释度为 69.64%。

如图 4A 所示, 其样点分布状况显示, WA02、WA03、WA07、WA08、WA09 以及 WA11 样点排序比较接近; WA05 和 WA06 样点聚在一起; WA10 以及 WA12 样点聚在一起; 而 WA04 独占一方, 距离较远。结合表 2, 观察纳帕海高原湿地酵母菌种群在各样点的分布情况。*Rhodotorula mucilaginosa* 和 *Rhodotorula graminis* 几乎在每个样点都有出现。*Yarrowia lipolytica*、

甜茅黑粉菌 (*Ustilago filiformis*)、*Ustilago longissima*、*Cystofilobasidium infirmominiatum*、*Vishniacozyma taibaiensis*、卡恩斯维希尼克氏酵母 (*Vishniacozyma carnescens*)、*Vishniacozyma victoriae*、阿德利长西氏酵母 (*Naganishia adeliensis*) 和 *Cystobasidium lysinophilum* 仅在 WA04 样点出现, WA04 样点出现足有 9 个特有种, 导致 WA04 样点独自占有一个区域。WA10 与 WA12 样点所拥有的酵母菌种群最少, WA12 样点仅拥有 2 个不同的酵母菌种群, 而两个样点共同拥有长孢洛德酵母 (*Lodderomyces elongisporus*) 和 *Rhodotorula mucilaginosa*, 因此 WA10 以及 WA12 样点聚在一起。*Filobasidium wieringae* 只出现在 WA05 样点, *Geotrichum bryndzae* 在 WA06 样点中大量分离, 且 WA05 和 WA06 样点共同分离得到 *Meyerozyma guilliermondii*、*Meira nashicola*、胶红酵母 (*Rhodotorula mucilaginosa*) 以及禾本红酵母 (*Rhodotorula graminis*), 因此 WA05 和 WA06 样点聚在一起且相互有一定的距离。*Meyerozyma guilliermondii* 和 *Papiliotrema aspenensis* 大量在 WA02、WA03、WA07、WA08、WA09 以及 WA11 样点中分离得到; *Kurtzmaniella quercitrusa*、热带假丝酵母 (*Candida tropicalis*)、*Barnettozyma californica*、*Yarrowia osloensis*、蚜虫莫氏黑粉菌 (*Moesziomyces aphidis*)、*Papiliotrema flavescens*、*Naganishia diffluens*、*Apiotrichum laibachii* 和圆红酵母 (*Rhodotorula toruloides*) 仅在 WA02、WA03、WA07、WA08、WA09 以及 WA11 样点中出现; 而涎沫假丝酵母菌 (*Candida zeylanoides*) 仅在 WA02 样点出现, *Hannaella luteola* 仅在 WA07 样点出现, *Naganishia cerealis* 仅在 WA11 样点出现, 这些条件导致 WA02、WA03、WA07、WA08、WA09 以及 WA11 样点独立于其他样点却相互之间互相分离。分析其相关性, 如果它

们之间的夹角等于 90° 则没有相关性, 小于 90° 则呈正相关关系, 反之则呈现负相关关系。酵母菌数量与总氮呈现显著负相关, 与图 4 的结果一致。物种数与 Shannon-Winner 多样性指数、Simpson 多样性指数、Richness 丰富度指数、Chao1 指数均存在极其显著的正相关性, 这也与之前的结果一致。

为了进一步观察理化因子对酵母菌种群数量的影响, 将数量较多的酵母菌种群数量与理化因子之间进行 PCA 分析, 如图 4B 所示。总硬度、电导率、总有机碳与 *N. albida*、*L. elongisporus*、*R. mucilaginosa* 呈现出正相关关系, 与 *M. aphidis*、*P. aspenensis*、*M. guilliermondii*、*R. graminis* 和 *P. flavescens* 等呈现负相关关系, 总硬度、电导率、总有机碳与样点的酵母菌数量并无明显关系。浊度、总磷只与 *M. nashicola* 和 *R. graminis* 呈现正相关, 与 *L. elongisporus*、*R. mucilaginosa*、*P. flavescens* 等呈现负相关, 与样点的酵母菌数量呈现负相关。总氮只与 *M. nashicola* 呈现出正相关关系, 与其余大部分酵母菌种群都呈现负相关, 包括数量排名最多的几个酵母菌种群 *M. guilliermondii*、*R. graminis* 和 *R. mucilaginosa*, 因此总氮能显著影响纳帕海高原湿地酵母菌种群数量。总而言之, 总氮是影响纳帕海高原湿地酵母菌种群分布最重要的理化因子, 主要通过影响大部分酵母菌种群的数量。

2.2.4 纳帕海高原湿地酵母菌多样性与其他淡水环境之间的分析

分析比较纳帕海湿地与云南高原湖泊滇池^[9]、抚仙湖^[12]、星云湖^[40]、杞麓湖^[11]、程海^[13-14]、阳宗海^[10,15]、洱海^[15]、异龙湖^[16-17]和西藏自治区的拉鲁湿地^[19]、羊卓雍措^[18]的酵母菌种群关系。结果发现, 胶红酵母 (*Rhodotorula mucilaginosa*) 是所有样点均有的一个酵母菌种群。再对其相似性进行分析 (图 5), 纳帕海高原

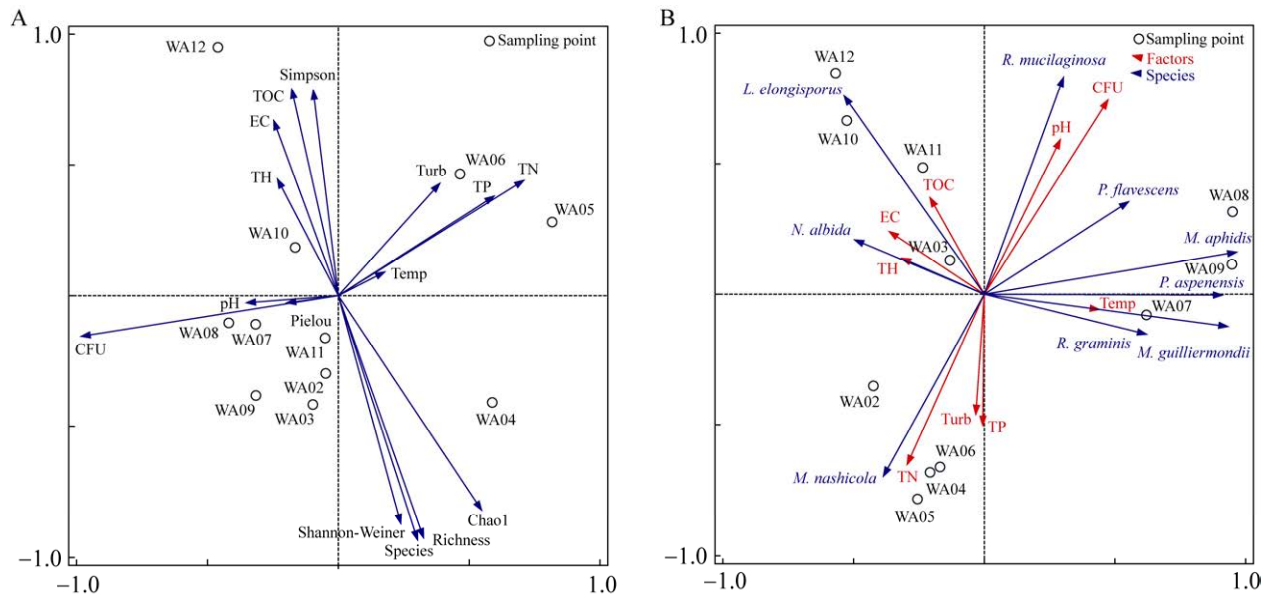


图 4 纳帕海高原湿地的水体酵母菌与理化因子的 PCA 分析 A: 纳帕海高原湿地水体酵母菌多样性与理化因子的 PCA 分析. B: 纳帕海高原湿地水体酵母菌种群与理化因子的 PCA 分析

Figure 4 PCA analysis of yeasts and physicochemical factors in the water from Napahai plateau wetland. A: PCA analysis of yeasts diversity and physicochemical factors in the water from Napahai plateau wetland. B: PCA analysis of yeasts community distribution associated and physicochemical factors in the water from Napahai plateau wetland.

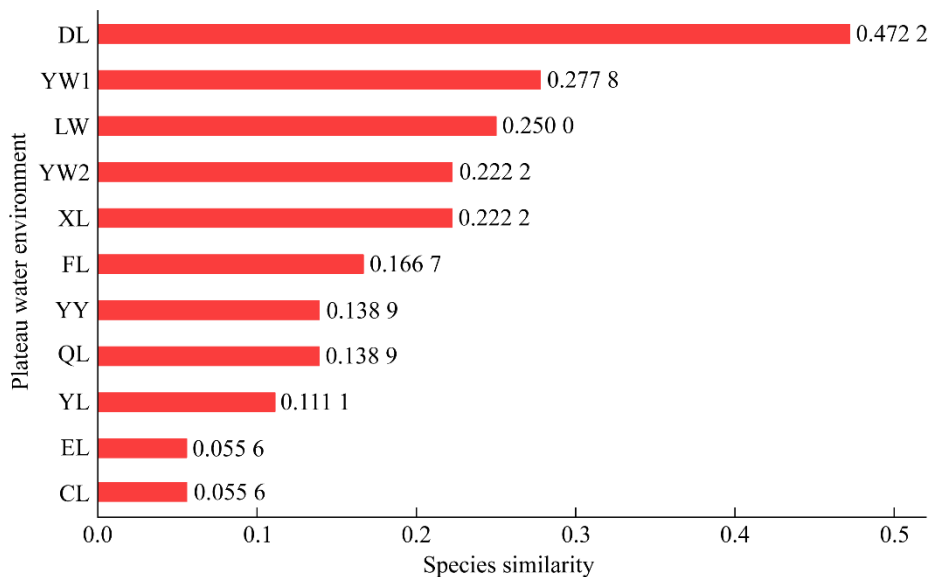


图 5 纳帕海高原湿地与其他高原淡水环境中可培养酵母菌物种相似性

Figure 5 Similarity of culturable yeasts species in the Napahai plateau wetland and other plateau water environments. YW2: After wetland restoration in Yilong Lake; YW1: Before wetland restoration in Yilong Lake; QL: Qilu Lake; XL: Xingyun Lake; FL: Fuxian Lake; YL: Yangzonghai Lake; LW: Lulu Wetland; YY: Yamzhog Yumco Lake; DL: Dianchi Lake; EL: Erhai Lake; CL: Chenghai Lake.

湿地酵母菌种群与其他高原水环境中酵母菌种群具有明显差异,物种相似度为 0.055 6–0.472 2,共有种为 1–17 个。相比之下,纳帕海高原湿地与滇池(DL)酵母菌种群的相似度最高为 0.472 2,水质均为V类左右,同时又具有水质稍微好一点的区域;纳帕海是属于V类水质,与异龙湖湿地修复前相似度第二高为 0.277 8,而与异龙湖湿地修复后相似度有所降低;整体来看,纳帕海高原湿地与其他几个湿地之间的相似度都是略高于其他淡水湖泊。纳帕海高原湿地与其他高原淡水湖泊之间的相似性均不相同,这可能与其地理环境和水质不同有关。

纳帕海高原湿地独有的酵母菌种群有 *Barnettozyma californica*、*Candida pseudointermedia*、*Cutaneotrichosporon dermatis*、*Cystobasidium lysinophilum*、*Kurtzmaniella quercitrusa*、*Meira nashicola*、*Naganishia cerealis*、*Ustilago filiformis*、*Ustilago longissima*、*Vishniacozyma victoriae*、*Yarrowia osloensis*。这可能与纳帕海高原湿地具有独特的地理位置、气候以及生态环境有关。

3 讨论

3.1 纳帕海高原湿地多样性

研究表明纳帕海高原湿地水体酵母菌具有丰富的多样性。本研究共采集水体样品 11 个,分离获得 565 株酵母菌,鉴定为 21 个属,36 个种。优势种为胶红酵母(*Rhodotorula mucilaginosa*)、季也蒙迈耶氏酵母(*Meyerozyma guilliermondii*)以及禾本红酵母(*Rhodotorula graminis*);优势属为红酵母属(*Rhodotorula*)。红酵母属广泛存在于自然界中且抗逆性较强,特别是在高海拔水环境中,无论水质与生态环境是否相同,红酵母属都广泛存在。另外,在中国云南星云湖^[42]、中国青藏高原的雪坑^[43]、中国新疆的天山一号

冰川^[44-45]、阿根廷的 Nahuel Huapi 湖^[46]、阿根廷巴塔哥尼亚的 Rio Agrio 和 Caviahue 湖^[20]、阿根廷巴塔哥尼亚的冰川^[47]、意大利的 Calderone Glacier 冰川^[23]以及巴西 Lagoa Santa 高原的 Lagoa Olhos d'Agua 湖^[22]都分布有红酵母属的酵母菌。这些环境都具有高海拔和强紫外线的共同特征,因为红酵母属能够产生类胡萝卜素等色素,而这些色素具有优秀的紫外线辐射抵抗能力,使酵母菌能够更好地适应强紫外线辐射环境,在高海拔环境中占据优势。

Meyerozyma guilliermondii 是纳帕海高原湿地中的另外一种优势菌。*M. guilliermondii* 是一种子囊菌酵母,可以从环境、人类皮肤以及黏膜中(作为一种腐生菌)分离得到。Gadanhó 等^[48]从大西洋的深海热液区分离得到,Choi 等^[49]从泡菜生产过程中产生的废盐水环境中分离到 1 株。*M. guilliermondii* 不产色素,在橄榄油培养基中能产生脂肪酶,在海水培养基中可以产生大量菊粉酶,它被认为是海洋中的土著种,在海洋环境中广泛分布^[50],除此之外,*M. guilliermondii* 还能合成核黄素^[51]。有研究发现 *M. guilliermondii* 是一种罕见的病原菌,可引起心包炎、心内膜炎、腹膜炎、骨髓炎和导管介导的念珠菌病等^[52]。又有研究发现 *M. guilliermondii* 具有抗菌特性,通过在水果的伤口表面定居并争夺营养物质和生态位的方式拮抗水果病原菌^[53]。从梨表面分离的 *M. guilliermondii* 已成功应用于几种水果和蔬菜采后病原体的防控,如葡萄、苹果以及番茄等^[54]。然而在淡水环境中,*M. guilliermondii* 并不常见。星云湖(V类)分离得到 4 株,异龙湖(V类)中分离得到 2 株,杞麓湖(V类)中分离得到 2 株,阳宗海(III类)分离得到 4 株,这 4 个淡水湖泊普遍水质较差。由此可见,在淡水环境中,*M. guilliermondii* 普遍生存在水质恶劣的环

境中, *M. guilliermondii* 具有对抗恶劣环境的可能, 同时该菌作为一种潜在的病原菌, 也在一定程度上说明了环境中可能存在有致病风险。在以前报道的其他淡水环境中, *M. guilliermondii* 分离频率都较低, 而本次的研究结果 *M. guilliermondii* 首次作为优势种群出现在淡水环境中, 应该是纳帕海高原湿地独特的气候与生态环境所造成, 也说明了纳帕海环境保护是目前需要重点关注的问题。

在纳帕海高原湿地水体中, WA04 样点受到人为干扰较小, 分离得到的酵母菌多样性最高; 人为活动干扰较大的 WA02、WA03 和死水区 WA09 样点多样性偏高; 人为活动干扰较小的 WA10 样点多样性偏低, 有 5 种; 人为活动干扰较大且浮水植物居多的 WA12 样点分离得到的酵母菌多样性最低, 仅有 2 种。人为活动等因素并不能很好地与酵母菌多样性相关联。挺水植物对氮磷具有较好的去除能力, 由此挺水植物居多的 WA11 具有最低的总磷和较低的总氮, 但与酵母菌的多样性未观察到相关性。而浮水植物对于氮磷的去除能力相比挺水植物更弱一些, WA12 样点总氮和总磷比 WA11 要稍微高一些, 但 WA12 样点总有机碳、总硬度以及电导率都是所有样点中最高, 较高的有机物导致浮水植物大量繁殖, 水体中溶氧不足, 水质恶化, 因此 WA12 样点酵母菌多样性最低。

3.2 纳帕海高原湿地酵母菌数量分布与人类活动相关性

纳帕海高原湿地作为云南省著名旅游区, 围绕纳帕海建造了环纳帕海公路, 公路与水体接壤处堆积大量石子防止泥土被冲刷到公路上, 而本次采样有好几个水体样点位于公路边。WA05 样点水体紧靠公路边且靠近人员居住地, 水中有明显泡沫, 水体酵母菌数量最少。样点 WA04 和 WA06 同样位于公路边, 但远离人类

居住地, 无明显水生植物生长, 因此该样点酵母菌数量较少, 但比样点 WA05 稍多。WA11 样点离公路距离稍远且远离人员居住地, 位于灌木林旁边, 水生植物丰富且挺水植物居多, 相比于 WA04、WA05 和 WA06 三个样点, WA11 样点酵母菌数量突破 1 000 个/L, 达到 2 529 个/L。样点 WA10 相比于 WA11 样点距离公路同样稍远且远离人类居住地, 但位于乔木林旁边, 水中具有挺水植物, 水边有大量天然的草本植物, 酵母菌数量大于 3 000 个/L, 比 WA11 样点酵母菌数量稍多。按照水质情况来讨论, WA02、WA03 和 WA08 样点总磷达到 II 类水质标准, 总氮达到了 III 类水质标准。WA02 和 WA03 样点位于旅游区, 且 WA02 样点有大量马匹停留, WA02 样点酵母菌数量有 3 100 个/L, WA03 样点有 3 800 个/L, 而 WA08 样点位于纳曲河森林入河口, 远离人类居住地, 酵母菌数量为 8 472 个/L, 是 WA02 和 WA03 样点的 2 倍多。WA07 和 WA09 样点总磷、总氮都达到了 III 类水质, 均远离人类居住地, 但 WA07 样点紧靠公路且旁边为天然松林, WA09 样点位于死水区且水岸有大量天然的野草以及少量乔木植物, WA07 样点的酵母菌数量比 WA09 样点稍微少一些。说明相似的水质条件下, 人为干扰会极大地影响酵母菌的数量分布。同样是受人为因素干扰较多和总氮为 IV 类水质以下的样点 WA04、WA05、WA06 和 WA12, WA12 样点由于其水生植物丰富, 酵母菌数量显著比另外 3 个样点多。说明相似的水质以及受人为因素的干扰, 水生生态环境也会影响其酵母菌的数量分布。由此可以得出, 水质越差, 水体酵母菌数量越少; 随着远离公路的距离增加, 酵母菌数量也会逐渐增加; 水体旁边的植被也会直接影响到水体酵母菌的数量, 具体表现为植被干扰程度越小, 水体酵母菌数量越多; 而水体中的植被生长情况

也会影响到酵母菌数量，有水生植物生长的水体，酵母菌数量会多于无水生植物生长的水体。

3.3 理化因子相关性

3.3.1 纳帕海高原湿地理化因子

理化因子差异性分析结果表明纳帕海水体中不同样点之间的理化因子差异性明显。造成差异的原因是湿地环境内水体流动较少，不能及时进行水体交换，再加上不同区域的植被类型、土壤类型、水生生态以及人员活动等因素，极大程度上影响了纳帕海高原湿地水体的理化因子，导致酵母菌群落组成的差异。根据中华人民共和国生态环境部发布的地表水环境质量标准，纳帕海水体总氮在Ⅲ-劣Ⅴ类，总磷在Ⅱ-Ⅲ类，明显可以看出纳帕海高原湿地污染类型主要是氮污染。由于旅游业以及畜牧业的开发，纳帕海生态环境受到大量人为因素干扰，水体生态环境愈加恶劣，造成水体富营养化逐渐加重，纳帕海生态环境保护迫在眉睫。

3.3.2 影响纳帕海高原湿地与其他淡水环境酵母菌种群分布的环境因子

总氮是影响纳帕海酵母菌数量的主要因素，总氮与纳帕海酵母菌数量呈现显著性负相关，这与其他高原淡水酵母菌种群与理化因子之间的相关性分析并不相同。总磷和 pH 分别是影响杞麓湖中红冬孢酵母属(*Rhodospiridium*)和隐球酵母属(*Cryptococcus*)分布的主要因素；影响异龙湖酵母菌种群分布的是总氮；影响抚仙湖酵母菌种群的则是总有机碳；电导率是影响阳宗海酵母菌种群分布的主要因素；影响羊卓雍措酵母菌种群分布的主要因素是总磷和 pH；化学需氧量则影响西藏拉鲁湿地水体酵母菌种群的分布；总氮和总磷影响巴西 Rio Doce 河流酵母菌属水平的分布^[55]。

这可能是由于各个环境内的地理位置、生态情况、气候差异以及人为活动都有所不同，

导致酵母菌种群分布在不同环境中都有所差异，甚至于影响酵母菌种群分布的理化因子都有所不同。总氮作为衡量水质的重要指标之一，纳帕海高原湿地周边排放的生活污水和农田排水是主要影响纳帕海水体总氮的因素。再加上纳帕海高原湿地的绕湖公路紧紧围绕纳帕海水体建造，致使纳帕海水体受到人为因素干扰极大，几乎所有的样点都受到一定的干扰。因此，与人类活动息息相关的总氮便成为纳帕海水体影响酵母菌分布的关键因素。而其他淡水环境与纳帕海高原湿地环境不同，因此影响酵母菌分布的关键因素也有所不同。

3.4 纳帕海高原湿地多样性与其他高原淡水水的比较

在纳帕海高原湿地与其他高原淡水环境酵母菌种群比较发现，*Barnettozyma californica*、*Candida pseudointermedia*、皮肤皮状新丝孢酵母(*Cutaneotrichosporon dermatis*)、*Cystobasidium lysinophilum*、*Kurtzmaniella quercitrusa*、*Meira nashicola*、*Naganishia cerealis*、*Ustilago filiformis*、*Ustilago longissima*、*Vishniacozyma victoriae* 和 *Yarrowia osloensis* 都是纳帕海高原湿地独有的酵母菌种群。*Naganishia cerealis*、*Ustilago filiformis*、*Ustilago longissima* 和 *Vishniacozyma victoriae* 这 4 种酵母菌分别只分离得到 1 株，可能是雨水或空气流动等原因带到水体中的，具有偶然性。*Barnettozyma californica* 在铵态氮、硝酸盐或亚硝酸盐浓度为 14–140 mg/L 时表现出高效的异养硝化和好氧反硝化功能，具有从废水中去除无机氮的潜力^[56]。*Candida pseudointermedia* 能将纤维二糖转运到细胞质中，然后在细胞内产生高亲和力的 β -葡萄糖苷酶水解纤维二糖^[57]，同时，*C. pseudointermedia* 也具有利用降解脂肪族和芳香烃作为营养物质来源的能力，其在油污环境中的生物修复有效性，可以为水体或土

壤油污染提供解决方案^[58]。*Cutaneotrichosporon dermatis* 是一种能将木质纤维素转化为微生物脂质的含油酵母^[59], 能够同时吸收木糖和葡萄糖, 从而产生相当大的脂质积累^[60], *C. dermatis* 对噻康唑、特比萘芬、氟康唑和泊沙康唑等都具有一定的耐药性^[61], 可有效降解四环素、多西环素和四氯环素等, 从而降低抗真菌药的抗菌效力^[62], 是一种潜在致病菌, 能产生一些重要的毒力因子^[63]。这些纳帕海水体中独有的酵母菌种群都会间接或直接影响到水质环境, 构成了纳帕海高原湿地独特的生态环境。

4 结论

本研究探讨了纳帕海高原湿地水体酵母菌多样性及其与理化因子的相关性。结果显示, 纳帕海高原湿地水体中酵母菌资源丰富, 共分离得到 565 株酵母菌, 鉴定为 21 个属, 36 个种。人为活动对纳帕海高原湿地水体酵母菌的数量和种群分布影响较大。总氮是影响纳帕海高原湿地酵母菌种群数量的主要理化因子, 总氮与酵母菌种群数量呈现显著性负相关。纳帕海高原湿地酵母菌群落组成与其他高原淡水湖泊具有较大差异, 与其他高原淡水环境相比, 纳帕海高原湿地具有独特的酵母菌资源, 可作为工业领域的待开发菌种资源, 有待进一步研究。

参考文献

- [1] BUZZINI P, TURK M, PERINI L, TURCHETTI B, GUNDE-CIMERMAN N. Yeasts in polar and subpolar habitats[M]//Yeasts in Natural Ecosystems: Diversity. Cham: Springer, 2017: 331-365.
- [2] SINGH SM, ADHAPURE N, SHARMA R. Diversity and bioprospecting of yeasts from extreme environments[M]//Advancing Frontiers in Mycology & Mycotechnology. Singapore: Springer, 2019: 117-142.
- [3] ROSA LH, PELLIZZARI FM, OGAKI MB, de PAULA MTR, MANSILLA A, MARAMBIO J, COLEPICCOLO P, NETO AA, VIEIRA R, ROSA CA. Sub-antarctic and Antarctic marine ecosystems: an unexplored ecosystem of fungal diversity[M]//Fungi of Antarctica. Cham: Springer, 2019: 221-242.
- [4] OGAKI MB, COELHO LC, VIEIRA R, NETO AA, ZANI CL, ALVES TMA, JUNIOR PAS, MURTA SMF, BARBOSA EC, OLIVEIRA JG, CERAVOLO IP, PEREIRA PO, COTA BB, VIANA RO, ALVES VS, ROSA LH. Cultivable fungi present in deep-sea sediments of Antarctica: taxonomy, diversity, and bioprospecting of bioactive compounds[J]. Extremophiles: Life Under Extreme Conditions, 2020, 24(2): 227-238.
- [5] BRIDGE PD, NEWSHAM KK. Soil fungal community composition at Mars Oasis, a southern maritime Antarctic site, assessed by PCR amplification and cloning[J]. Fungal Ecology, 2009, 2(2): 66-74.
- [6] SINGH P, TSUJI M, SINGH SM, ROY U, HOSHINO T. Taxonomic characterization, adaptation strategies and biotechnological potential of cryophilic yeasts from ice cores of Midre Lovénbreen glacier, Svalbard, Arctic[J]. Cryobiology, 2013, 66(2): 167-175.
- [7] BARAHONA S, YUIVAR Y, SOCIAS G, ALCAÍNO J, CIFUENTES V, BAEZA M. Identification and characterization of yeasts isolated from sedimentary rocks of Union Glacier at the Antarctica[J]. Extremophiles, 2016, 20(4): 479-491.
- [8] ALVES IMS, GONÇALVES VN, OLIVEIRA FS, SCHAEFER CEGR, ROSA CA, ROSA LH. The diversity, distribution, and pathogenic potential of cultivable fungi present in rocks from the south Shetlands archipelago, Maritime Antarctica[J]. Extremophiles, 2019, 23(3): 327-336.
- [9] 韩龙. 云南高原湖泊滇池的真菌多样性及其空间分布特征[D]. 昆明: 云南大学博士学位论文, 2018.
- [10] HAN L. Diversity and spatial distribution of fungi in Dianchi Lake of Yunnan plateau[D]. Kunming: Doctor's Thesis of Yunnan University, 2018 (in Chinese).
- [10] 严亚萍, 李治滢, 董明华, 周巧, 晋方佑, 杨丽源, 李绍兰. 云南阳宗海酵母菌种群结构及产胞外酶测试[J]. 微生物学报, 2013, 53(11): 1205-1212.
- [10] YAN YP, LI ZY, DONG MG, ZHOU Q, JIN FY, YANG LY, LI SL. Yeasts from Yangzonghai Lake in Yunnan (China): diversity and extracellular enzymes[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2013, 53 (11): 1205-1212 (in Chinese).
- [11] 董明华, 李治滢, 周斌, 周巧, 严亚萍, 晋方佑, 李云霄, 杨丽源, 李绍兰. 云南高原湖泊杞麓湖冬季可

- 培养酵母菌多样性分析[J]. 微生物学报, 2016, 56(4): 603-613.
- DONG MH, LI ZY, ZHOU B, ZHOU Q, YAN YP, JIN FY, LI YX, YANG LY, LI SL. Diversity of cultivable yeast in Qilu Lake in winter[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2016, 56(4): 603-613 (in Chinese).
- [12] 郭小芳, 李治滢, 董明华, 周斌, 杨丽源, 李绍兰. 云南高原湖泊抚仙湖酵母菌空间分布及其与环境因子的关系[J]. 湖泊科学, 2016, 28(2): 358-369.
- GUO XF, LI ZY, DONG MH, ZHOU B, YANG LY, LI SL. Spatial dynamics of yeast community and its relationship to environmental factors in Lake Fuxian, Yunnan Province[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2016, 28(2): 358-369 (in Chinese).
- [13] 李治滢, 周新丽, 周斌, 董明华, 王永霞, 杨丽源, 李绍兰. 云南程海湖冬季酵母菌多样性及胞外酶活性研究[J]. 菌物学报, 2017, 36(2): 177-185.
- LI ZY, ZHOU XL, ZHOU B, DONG MH, WANG YX, YANG LY, LI SL. Diversity and extracellular enzymes of yeasts from Chenghai Lake in winter[J]. *Mycosystema*, 2017, 36(2): 177-185 (in Chinese).
- [14] 周新丽, 李治滢, 杨丽源, 董明华, 李绍兰. 云南程海湖酵母菌多样性及应用[J]. 微生物学报, 2011, 51(4): 547-553.
- ZHOU XL, LI ZY, YANG LY, DONG MH, LI SL. Identification of yeasts isolated from Chenghai Lake, a plateau lake in Yunnan Province[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2011, 51(4): 547-553 (in Chinese).
- [15] 严亚萍. 云南洱南和阳宗海酵母菌多样性研究及活性菌株评价[D]. 昆明: 云南大学硕士学位论文, 2013.
- YAN YP. Study on yeast diversity and evaluation of active strains in ernan and Yangzonghai of Yunnan Province[D]. Kunming: Master's Thesis of Yunnan University, 2013 (in Chinese).
- [16] 李治滢, 董明华, 周斌, 杨丽源, 赖泳红, 王永霞, 肖炜, 崔晓龙, 李绍兰. 云南异龙湖可培养酵母菌多样性及产胞外酶和油脂活性菌株筛选[J]. 云南大学学报(自然科学版), 2020, 42(6): 1212-1223.
- LI ZY, DONG MH, ZHOU B, YANG LY, LAI YH, WANG YX, XIAO W, CUI XL, LI SL. Biodiversity of culturable yeasts isolated from Yilong Lake and screening of extracellular enzyme and oil strain[J]. *Journal of Yunnan University (Natural Science Edition)*, 2020, 42(6): 1212-1223 (in Chinese).
- [17] 王海雁, 孙远宁, 王留英, 王永霞, 崔晓龙, 肖炜, 孔德平, 李绍兰, 李治滢. 异龙湖湿地修复后可培养酵母菌的多样性及其与理化因子的相关性[J]. 微生物学报, 2022, 62(5): 1722-1739.
- WANG HY, SUN YN, WANG LY, WANG YX, CUI XL, XIAO W, KONG DP, LI SL, LI ZY. Diversity of culturable yeasts and its correlation with environmental factors in Yilong Lake after wetland[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(5): 1722-1739 (in Chinese).
- [18] 郝兆, 王艳红, 郑艳艳, 郭小芳, 德吉. 羊卓雍措水体可培养酵母菌多样性及其与理化因子相关性[J]. 微生物学报, 2021, 61(5): 1269-1286.
- HAO Z, WANG YH, ZHENG YY, GUO XF, DE J. Diversity of culturable yeasts in yamzhog yumco lake[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, 61(5): 1269-1286 (in Chinese).
- [19] 郭小芳, 德吉, 龙琦炜, 白斌锦, 王豪杰, 曹亚璞. 西藏拉鲁湿地水体酵母菌多样性及其与理化因子相关性[J]. 微生物学报, 2018, 58(7): 1167-1181.
- GUO XF, DE J, LONG QW, BAI BJ, WANG HJ, CAO YP. Spatial dynamics of yeast community and its relationship with environmental factors in Lhalu Wetland, Xizang[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2018, 58(7): 1167-1181 (in Chinese).
- [20] RUSSO G, LIBKIND D, SAMPAIO JP, van BROOCK MR. Yeast diversity in the acidic Rio Agrio-Lake Cavihue volcanic environment (Patagonia, Argentina)[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 65(3): 415-424.
- [21] BRIZZIO S, TURCHETTI B, de GARCÍA V, LIBKIND D, BUZZINI P, van BROOCK M. Extracellular enzymatic activities of *basidiomycetous* yeasts isolated from glacial and subglacial waters of northwest Patagonia (Argentina)[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2007, 53(4): 519-525.
- [22] BRANDÃO LR, MEDEIROS AO, DUARTE MC, BARBOSA AC, ROSA CA. Diversity and antifungal susceptibility of yeasts isolated by multiple-tube fermentation from three freshwater lakes in Brazil[J]. *Journal of Water and Health*, 2010, 8(2): 279-289.
- [23] BRANDA E, TURCHETTI B, DIOLAIUTI G, PECCI M, SMIRAGLIA C, BUZZINI P. Yeast and yeast-like diversity in the southernmost glacier of Europe (Calderone Glacier, Apennines, Italy)[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2010, 72(3): 354-369.
- [24] 李杰, 胡金明, 刘闯, 石瑞香. 纳帕海湿地[J]. 全球变化数据学报(中英文), 2017, 1(3): 369-369.
- LI J, HU JM, LIU C, SHI RX. Boundary data of Napahai wetland[J]. *Journal of Global Change Data &*

- Discovery (Chinese and English), 2017, 1(3): 369-369 (in Chinese).
- [25] 陈伟. 纳帕海高原湿地微生物多样性研究[D]. 昆明: 昆明理工大学博士学位论文, 2016.
CHEN W. Microbial diversity in Napahai Plateau wetland[D]. Kunming: Doctoral Dissertation of Kunming University of Science and Technology, 2016 (in Chinese).
- [26] 徐志伟, 陈学梅, 魏云林, 张琦, 季秀玲. 基于宏基因组分析纳帕海高原湿地微生物及其碳氮代谢多样性[J]. 生物工程学报, 2021, 37(9): 3276-3292.
XU ZW, CHEN XM, WEI YL, ZHANG Q, JI XL. Metagenomic analysis of the diversity of microbes in the Napahai Plateau wetland and their carbon and nitrogen metabolisms[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2021, 37(9): 3276-3292 (in Chinese).
- [27] 徐志伟. 基于宏基因组纳帕海高原湿地细菌与病毒种群结构研究[D]. 昆明: 昆明理工大学硕士学位论文, 2021.
XU ZW. Study on bacteria and virus population structure of Napahai Plateau wetland based on metagenome[D]. Kunming: Master's Thesis of Kunming University of Science and Technology, 2021 (in Chinese).
- [28] 李珊. 纳帕海湿地浮游病毒遗传多样性研究[D]. 昆明: 昆明理工大学硕士学位论文, 2016.
LI S. Study on genetic diversity of virioplankton in Napahai wetland[D]. Kunming: Master's Thesis of Kunming University of Science and Technology, 2016 (in Chinese).
- [29] 袁小恬, 徐志伟, 秦堃豪, 张琦, 魏云林, 唐兵, 季秀玲. 纳帕海高原湿地 T4 类噬菌体遗传多样性分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2020, 39(6): 2621-2627.
YUAN XT, XU ZW, QIN KH, ZHANG Q, WEI YL, TANG B, JI XL. Genetic diversity analysis of T4-type bacteriophage in Napahai Plateau wetland[J]. Genomics and Applied Biology, 2020, 39(6): 2621-2627 (in Chinese).
- [30] 俞汇颖. 纳帕海噬菌体多样性的初步研究[D]. 昆明: 昆明理工大学硕士学位论文, 2014.
YU HY. Study on diversity of phage in Napahai[D]. Kunming: Master's Thesis of Kunming University of Science and Technology, 2014 (in Chinese).
- [31] KURTZMAN CP, FELL JW, BOEKHOUT T. The Yeasts: a Taxonomic Study[M]. 5th ed. London: Elsevier Science, 2011: 293-2058.
- [32] NISIOTOU AA, SPIROPOULOS AE, NYCHAS GJ E. Yeast community structures and dynamics in healthy and *Botrytis*-affected grape must fermentations[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(21): 6705-6713.
- [33] KURTZMAN CP, ROBNETT CJ. Identification and phylogeny of *Ascomycetous* yeasts from analysis of nuclear large subunit (26S) ribosomal DNA partial sequences[J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 1998, 73(4): 331-371.
- [34] WANG QM, BEGEROW D, GROENEWALD M, LIU XZ, THEELEN B, BAI FY, BOEKHOUT T. Multigene phylogeny and taxonomic revision of yeasts and related fungi in the *Ustilaginomycotina*[J]. Studies in Mycology, 2015, 81: 55-83.
- [35] WANG QM, YURKOV AM, GÖKER M, LUMBSCH HT, LEAVITT SD, GROENEWALD M, THEELEN B, LIU XZ, BOEKHOUT T, BAI FY. Phylogenetic classification of yeasts and related taxa within *Pucciniomycotina*[J]. Studies in Mycology, 2015, 81: 149-189.
- [36] FELL JW, BOEKHOUT T, FONSECA A, SCORZETTI G, STATZELL-TALLMAN A. Biodiversity and systematics of *basidiomycetous* yeasts as determined by large-subunit rDNA D1/D2 domain sequence analysis[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2000, 50(Pt 3): 1351-1371.
- [37] SAITOU N, NEI M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees[J]. Molecular Biology and Evolution, 1987, 4(4): 406-425.
- [38] LARKIN MA, BLACKSHIELDS G, BROWN NP, CHENNA R, McGETTIGAN PA, McWILLIAM H, VALENTIN F, WALLACE IM, WILM A, LOPEZ R, THOMPSON JD, GIBSON TJ, HIGGINS DG. Clustal W and Clustal X version 2.0[J]. Bioinformatics, 2007, 23(21): 2947-2948.
- [39] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, STECHER G, NEI M, KUMAR S. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(10): 2731-2739.
- [40] 周谐, 郑坚, 黄书铭, 王明书. 三峡库区重庆段浮游藻类调查及水质评价[J]. 中国环境监测, 2006, 22(4): 70-73.
ZHOU X, ZHENG J, HUANG SM, WANG MS. Investigation and evaluation of pelagic algae and water quality about the Three Gorges Reservoir of Chongqing[J]. Environmental Monitoring in China, 2006, 22(4): 70-73 (in Chinese).

- [41] 高世荣, 潘力军, 孙凤英, 许永香, 王俊起. 用水生生物评价环境水体的污染和富营养化[J]. 环境科学与管理, 2006, 31(6): 174-176.
GAO SR, PAN LJ, SUN FY, XU YX, WANG JQ. Assessment on the pollution and eutrophication of environmental water by hydrobiologica[J]. Environmental Science and Management, 2006, 31(6): 174-176 (in Chinese).
- [42] 李治滢, 樊竹青, 董明华, 谭金连, 周斌, 杨丽源, 李绍兰. 云南星云湖酵母菌多样性及产类胡萝卜素的评价[J]. 微生物学通报, 2019, 46(6): 1309-1319.
LI ZY, FAN ZQ, DONG MH, TAN JL, ZHOU B, YANG LY, LI SL. Diversity and evaluation of carotenoids-producing of yeasts isolated from Xingyun Lake[J]. Microbiology China, 2019, 46(6): 1309-1319 (in Chinese).
- [43] 邵莎苑. 青藏高原及其毗邻地区不同空间冰川雪坑中可培养酵母菌多样性研究[D]. 兰州: 兰州大学硕士学位论文, 2012.
SHAO SY. Diversity of culturable yeast in the snowpack from different glaciers on the Tibetan plateau & its adjacent regions[D]. Lanzhou: Master's Thesis of Lanzhou University, 2012 (in Chinese).
- [44] 郑晓吉, 孙海龙, 关波, 姜远丽, 倪永清. 天山一号冰川融水中耐冷酵母菌多样性及系统发育[J]. 食品与发酵工业, 2015, 41(7): 45-50.
ZHENG XJ, SUN HL, GUAN B, JIANG YL, NI YQ. Diversity and phylogeny of cold-adapted yeast from melt-water in the No.1 Glacier, Tianshan Mountains[J]. Food and Fermentation Industries, 2015, 41(7): 45-50 (in Chinese).
- [45] 姜远丽. 天山一号冰川融水及底部沉积层酵母菌系统发育研究[D]. 石河子: 石河子大学硕士学位论文, 2014.
JIANG YL. System development research on the No.1 of Tianshan mountain glacier melt water and bottom sedimentary yeast[D]. Shihezi: Master's thesis of Shihezi University, 2014 (in Chinese).
- [46] BRANDÃO LR, LIBKIND D, VAZ ABM, ESPÍRITO SANTO LC, MOLINÉ M, de GARCÍA V, van BROOCK M, ROSA CA. Yeasts from an oligotrophic lake in Patagonia (Argentina): diversity, distribution and synthesis of photoprotective compounds and extracellular enzymes[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2011, 76(1): 1-13.
- [47] de GARCÍA V, BRIZZIO S, LIBKIND D, BUZZINI P, van BROOCK M. Biodiversity of cold-adapted yeasts from glacial meltwater rivers in Patagonia, Argentina[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2007, 59(2): 331-341.
- [48] GADANHO M, SAMPAIO JP. Occurrence and diversity of yeasts in the mid-atlantic ridge hydrothermal fields near the Azores archipelago[J]. Microbial Ecology, 2005, 50(3): 408-417.
- [49] CHOI MH, PARK YH. Growth of *Pichia guilliermondii* A9, an osmotolerant yeast, in waste brine generated from kimchi production[J]. Bioresource Technology, 1999, 70(3): 231-236.
- [50] 王麟. 海洋酵母菌种资源库的建立及特殊类型海洋酵母菌的多样性研究[D]. 青岛: 中国海洋大学博士学位论文, 2008.
WANG L. Establishment of the marine yeast culture collection and study on the diversity of special marine yeasts[D]. Qingdao: Doctoral Dissertation of Ocean University of China, 2008 (in Chinese).
- [51] ZAKY AS, TUCKER GA, DAW ZY, DU CY. Marine yeast isolation and industrial application[J]. FEMS Yeast Research, 2014, 14(6): 813-825.
- [52] DIEKEMA DJ, MESSER SA, BOYKEN LB, HOLLIS RJ, KROEGER J, TENDOLKAR S, PFALLER MA. *In vitro* activity of seven systemically active antifungal agents against a large global collection of rare *Candida* species as determined by CLSI broth microdilution methods[J]. Journal of Clinical Microbiology, 2009, 47(10): 3170-3177.
- [53] LARRALDE-CORONA CP, del SOCORRO RAMÍREZ-GONZÁLEZ M, PÉREZ-SÁNCHEZ G, OLIVA-HERNÁNDEZ AA, NARVÁEZ-ZAPATA JA. Identification of differentially expressed genes in the citrus epiphytic-yeast *Pichia guilliermondii* during interaction with *Penicillium digitatum*[J]. Biological Control, 2011, 57(3): 208-214.
- [54] ZHANG DP, SPADARO D, GARIBALDI A, GULLINO ML. Potential biocontrol activity of a strain of *Pichia guilliermondii* against grey mold of apples and its possible modes of action[J]. Biological Control, 2011, 57(3): 193-201.
- [55] MEDEIROS AO, MISSAGIA BS, BRANDÃO LR, CALLISTO M, BARBOSA FAR, ROSA CA. Water quality and diversity of yeasts from tropical lakes and rivers from the Rio Doce basin in southeastern Brazil[J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2012, 43(4): 1582-1594.
- [56] FANG JK, LIAO SA, ZHANG SS, LI L, TAN SM, LI WZ, WANG AL, YE JM. Characteristics of a novel heterotrophic nitrification-aerobic denitrification yeast,

- Barnettozyma californica* K1[J]. Bioresource Technology, 2021, 339: 125665.
- [57] BARRILLI ÉT, TADIOTO V, MILANI LM, DEOTI JR, FOGOLARI O, MÜLLER C, BARROS KO, ROSA CA, dos SANTOS AA, STAMBUK BU, TREICHEL H, ALVES SL. Biochemical analysis of cellobiose catabolism in *Candida pseudointermedia* strains isolated from rotten wood[J]. Archives of Microbiology, 2020, 202(7): 1729-1739.
- [58] HASHEM M, ALAMRI SA, AL-ZOMYH SSAA, ALRUMMAN SA. Biodegradation and detoxification of aliphatic and aromatic hydrocarbons by new yeast strains[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2018, 151: 28-34.
- [59] WANG LY, WANG DM, ZHANG ZL, CHENG S, LIU BB, WANG CY, LI RG, GUO SX. Comparative glucose and xylose coutilization efficiencies of soil-isolated yeast strains identify *Cutaneotrichosporon dermatis* as a potential producer of lipid[J]. ACS Omega, 2020, 5(37): 23596-23603.
- [60] WANG LY, GUO SX, ZENG B, WANG SS, CHEN Y, CHENG S, LIU BB, WANG CY, WANG Y, MENG QS. Draft genome assembly and annotation for *Cutaneotrichosporon dermatis* NICC 30027, an oleaginous yeast capable of simultaneous glucose and xylose assimilation[J]. Mycobiology, 2022, 50(1): 69-81.
- [61] PAGANI DM, HEIDRICH D, PAULINO GVB, de OLIVEIRA ALVES K, DALBEM PT, de OLIVEIRA CF, ANDRADE ZMM, SILVA C, CORREIA MD, SCROFERNEKER ML, VALENTE P, LANDELL MF. Susceptibility to antifungal agents and enzymatic activity of *Candida haemulonii* and *Cutaneotrichosporon dermatis* isolated from soft corals on the Brazilian reefs[J]. Archives of Microbiology, 2016, 198(10): 963-971.
- [62] TAN H, KONG DL, MA QY, LI QQ, ZHOU YQ, JIANG X, WANG ZY, PARALES RE, RUAN ZY. Biodegradation of tetracycline antibiotics by the yeast strain *Cutaneotrichosporon dermatis* M503[J]. Microorganisms, 2022, 10(3): 565.
- [63] DO ESPÍRITO SANTO EPT, MONTEIRO RC, Da COSTA ARF, MARQUES-DA-SILVA SH. Molecular identification, genotyping, phenotyping, and antifungal susceptibilities of medically important *Trichosporon*, *Apiotrichum*, and *Cutaneotrichosporon* species[J]. Mycopathologia, 2020, 185(2): 307-317.