



# 博物馆库房环境真菌组成季节性特征研究

唐铭<sup>1,2\*</sup>, 杜然<sup>3\*</sup>, 石安美<sup>1,2</sup>, 柳敏<sup>1,2</sup>, 郭金沂<sup>1,2</sup>, 邵慧琪<sup>1,2</sup>

1 中国国家博物馆, 北京 100006

2 金属文物保护国家文物局重点科研基地(中国国家博物馆), 北京 100006

3 中国农业科学院农业基因组研究所, 广东 深圳 518120

唐铭, 杜然, 石安美, 柳敏, 郭金沂, 邵慧琪. 博物馆库房环境真菌组成季节性特征研究[J]. 微生物学报, 2024, 64(7): 2295-2306.

TANG Ming, DU Ran, SHI Anmei, LIU Min, GUO Jinyi, SHAO Huiqi. Seasonal variations of environmental fungal community composition in museum storerooms[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(7): 2295-2306.

**摘要:**【目的】环境真菌是导致博物馆藏品微生物病害的主要原因之一。博物馆库房环境中由于藏品材质、来源和保存环境的差异, 其环境真菌具有较高的多样性; 在博物馆空调系统的影响下, 藏品库房之间还存在真菌扩散的现象。研究不同材质藏品库房空气中真菌组成差异及其种类随季节变化情况, 是开展博物馆环境微生物风险预警和防范的基础。【方法】选择某博物馆的铁器库房和丝织品库房, 在一年时间内采用撞击法每两个月采样一次, 通过 ITS rDNA 序列对真菌的种类和组成进行分析。【结果】通过扩增子测序, 共获得 5 门 20 纲 184 科的真菌信息, 其中超过半数存在显著的季节波动。研究结果显示, 一方面, 铁器库房与丝织品库房存在特异性的、较为稳定的基础真菌菌群, 这些真菌受季节波动的影响较小; 另一方面, 在相对湿度较高的夏季, 多种具有蛋白类、纤维素类基质藏品损伤能力的真菌在两类库房出现了显著的富集, 对藏品具有潜在威胁。此外, 部分真菌在生长过程中会分泌酸类物质, 不利于藏品保护。【结论】本研究为博物馆环境有害真菌的防治工作提供了一定科学依据, 对博物馆藏品的预防性保护具有重要意义。

**关键词:** 博物馆; 藏品库房; 真菌多样性; 预防性保护

资助项目: 国家重点研发计划(2020YFC1522100)

This work was supported by the National Key Research and Development Program of China (2020YFC1522100).

\*Corresponding authors. E-mail: TANG Ming, tangm2004@163.com; DU Ran, duran@caas.cn

Received: 2023-11-06; Accepted: 2024-05-20; Published online: 2024-05-28

# Seasonal variations of environmental fungal community composition in museum storerooms

TANG Ming<sup>1,2\*</sup>, DU Ran<sup>3\*</sup>, SHI Anmei<sup>1,2</sup>, LIU Min<sup>1,2</sup>, GUO Jinyi<sup>1,2</sup>, SHAO Huiqi<sup>1,2</sup>

1 National Museum of China, Beijing 100006, China

2 Key Scientific Research Base of Metal Conservation, National Cultural Heritage Administration (National Museum of China), Beijing 100006, China

3 Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Shenzhen 518120, Guangdong, China

**Abstract:** [Objective] Environmental fungi emerge as the principal agents causing microbial deterioration of museum collections. The varying materials and origins of collections and the different storeroom environments in a museum contribute to high diversity of environmental fungi. Additionally, the air conditioning system within a museum may instigate fungal dispersion among storerooms. Recognizing the compositional differences and seasonal variations of fungal communities in the air across varied storerooms underpins the early warning and prevention against microbial hazards in museum settings. [Methods] Sampling was carried out every two months by the impacting method in the iron and silk storerooms of a museum for one year. Fungal species and community composition were examined by ITS rDNA sequencing. [Results] The amplicon sequencing yielded a broad spectrum of fungal data, encompassing five phyla, 20 classes, and 184 families, over half of which displayed notable seasonal changes. Distinct and comparatively consistent fundamental fungal populations existed in both iron and silk storerooms, exhibiting minimal seasonal variations. However, during summer when it was humid, substantial proliferation of the fungi capable of degrading proteinaceous and cellulosic materials was observed in both storerooms, which presented a latent hazard to the collections. Furthermore, it was noted that certain fungi produced acidic by-products during growth, which could compromise the integrity of the collections. [Conclusion] This investigation provides groundwork for the mitigation and management of environmentally derived fungal threats in museum contexts, underscoring importance for the preventive conservation of museum collections.

**Keywords:** museum; collection storeroom; fungal diversity; preventive conservation

微生物是导致博物馆藏品材料劣化的重要因素之一<sup>[1-3]</sup>。相较于其他因素，微生物具有传播隐匿、危害持久、杀灭困难等特点。微生物通常具有顽强的生命力和传播污染能力，尤其是可以通过孢子扩散传播的真菌，普遍具备极强的对纤维素和蛋白质类材料的降解能力，部

分真菌还能够产生多种有机酸和色素，可对漆木器、书画、丝织品、金属、石刻、壁画等不同材质藏品造成不可逆转的损伤<sup>[4-9]</sup>。由于微生物的培养和分离纯化相对困难、工作量大、危险性较高等原因，博物馆环境中真菌污染的相关研究尚处于起步阶段<sup>[10-13]</sup>。随着测序技术的

发展和研究手段的提升, 扩增子测序技术已经广泛应用于环境微生物的研究中, 能够不依赖分离培养实现对复杂环境中的真菌种类和丰度进行相对准确的检测分析, 这为高通量、安全、快速地开展博物馆环境中真菌污染与扩散等相关研究提供了可行的技术路径<sup>[14-16]</sup>。

本研究选择某博物馆的铁器和丝织品两个代表性库房, 在其放置藏品柜架的空间和顶部空调送风口处对微生物进行了一年的连续采样, 采用 ITS rDNA 扩增子测序技术对真菌的组成进行分析。以期通过获得库房环境微生物数据集, 发现铁器和丝织品库房中环境微生物的年度动态变化特征, 以及两类库房的真菌种类分布差异。对富集微生物中可能威胁纤维素和蛋白质基质的菌株进行分析与鉴定, 为后续逐步建立藏品损伤与博物馆环境中微生物关联模型、阐明微生物因素造成文物损伤的分子机制、实现藏品保存环境中真菌污染防控和藏品预防性保护提供参考和依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 空气微生物捕集

本研究采用配置了 400 孔采集盖的六级筛孔安德森采样器(浙江苏净净化设备有限公司)进行空气微生物的捕集<sup>[17]</sup>。配制 1.5%浓度的纯琼脂糖平板[西格玛奥德里奇(上海)贸易有限公司], 放置于安德森采样器中, 以 100 L/min 的采样速率, 共采集 2 000 L 空气中微生物。完成采集后, 盖好、封装、标记, 暂存于 4 °C 冰箱中。空气微生物采集时间为 2020 年 8 月至 2021 年 7 月, 每两个月采集一次样品。

### 1.2 微生物基因组提取

将空气微生物样品从冰箱取出后, 立刻采用一次性无菌聚酯拭子在采样平板表面擦拭不

低于 50%的区域, 刮取被凝胶吸附的微生物, 转入 1 mL 微生物采样保存液(广州洁特生物过滤股份有限公司)中, 14 000×g 离心 20 min 收集菌体样品。采用 BioSpec Mini-Beadbeater 进行菌体预破碎, 用 DNeasy PowerSoil Pro Kit (QIAGEN 公司)进行基因组提取<sup>[18]</sup>。使用微量分光光度计测定 DNA 提取含量和质量, 将检测合格的环境微生物 DNA 样本, 采用引物 ITSv2F (5'-GTGARTCATCGAATCTTT-3') 和 ITSv2R (5'-GATATGCTTAAGTTCAGCGGGT-3')进行 ITS 区域 PCR 扩增<sup>[19]</sup>, 采用 Illumina 公司的建库试剂盒完成建库。检测合格后, 用 Illumina HiSeq 2500 高通量测序平台进行测序。

### 1.3 测序数据分析

取高质量( $Q$  值 $\geq 25$ )的碱基比例 $\geq 90\%$ 的 reads, 采用 Flash 软件对下机数据进行拼接<sup>[20]</sup>, 采用 QIIME 软件中的 USEARCH 8.0 软件进行嵌合体序列的检测及过滤, 获得用于后续比对分析的数据<sup>[21]</sup>。

利用 QIIME 软件包中的 Uclust 方法( $\geq 97\%$ 的序列相似性水平)进行操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类分析<sup>[4]</sup>, 基于 QIIME/UNITE reference OTUs (alpha version 12\_11)参考数据库, 对样品进行物种分类学(taxonomy)注释。

对获得的数据分别进行  $\alpha$  多样性和  $\beta$  多样性分析。采用 Chao1、Shannon-Wiener、Simpson 指数等进行  $\alpha$  多样性分析<sup>[22-23]</sup>, 对不同样品的测序数据量、测序多样性以及群落多样性等进行综合比较。采用主成分分析(principal components analysis, PCA)、偏最小二乘法判别分析(partial least squares discriminant analysis, PLS-DA)等  $\beta$  多样性分析手段, 对不同组样品的多样性进行差异比较<sup>[24]</sup>, 并通过线性判别分

析效应大小(linear discriminant analysis effect size, LEfSe)对显著变化的菌株进行研究。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同库房环境真菌组成在全年内呈现显著差异

通过对 ITS 数据进行解析,共检出 5 门 20 纲 184 科的真菌。其中,在铁器库房中(图 1A),子囊菌门(*Ascomycota*)在全年内的相对丰度在 13%–71%之间波动,在大部分采样点其丰度都相对较高,是库房真菌的重要组成部分;担子菌门(*Basidiomycota*)的相对丰度在 4%–68%之间波动,除在 2020 年 10 月份检出较高外,在其他月份丰度相对较为稳定,也是库房真菌的重要组成部分;而接合菌门(*Zygomycota*)仅在个别月份检出。在丝织品库房中(图 1B),子囊菌门(*Ascomycota*)全年内的相对丰度在 7%–93%之间波动,在除 2020 年 10 月份外的其他采样时间点,其丰度均超过 50%,表明子囊菌门是丝织品库房真菌的重要组成部分,但是其含量受

气候环境中温湿度因素影响较大;担子菌门(*Basidiomycota*)在 1%–42%之间波动,类似于子囊菌门,担子菌门在多个月份出现了明显的富集,相对丰度在 2020 年 10 月份的检测中达到最高值,说明其受气候环境影响也较大,是丝织品库房真菌的重要组成部分;而接合菌门(*Zygomycota*)仅在秋冬月份可检出,在丝织品库房中占比同样较低。以上结果显示,一方面,库房真菌存在丰富的多样性,而且在一年内的组成存在较大的变化;另一方面,库房中部分真菌丰度在全年大部分时段都稳定存在,说明库房中存在不依赖于气候变化的核心真菌菌群,而且不同库房或存在不同的核心真菌菌群。

在得到库房真菌组成信息的同时,发现在不同库房、不同时间点样品中均存在不同数量的真菌,虽然其所属门或者纲能够确认,但是受限于现有参考基因组数据库限制,无法进一步对其进行分类学鉴定。这类真菌在铁器库房的的不同采样点中占比在 8%–44%之间波动,尤其在春夏季其丰度会出现明显富集,说明当进

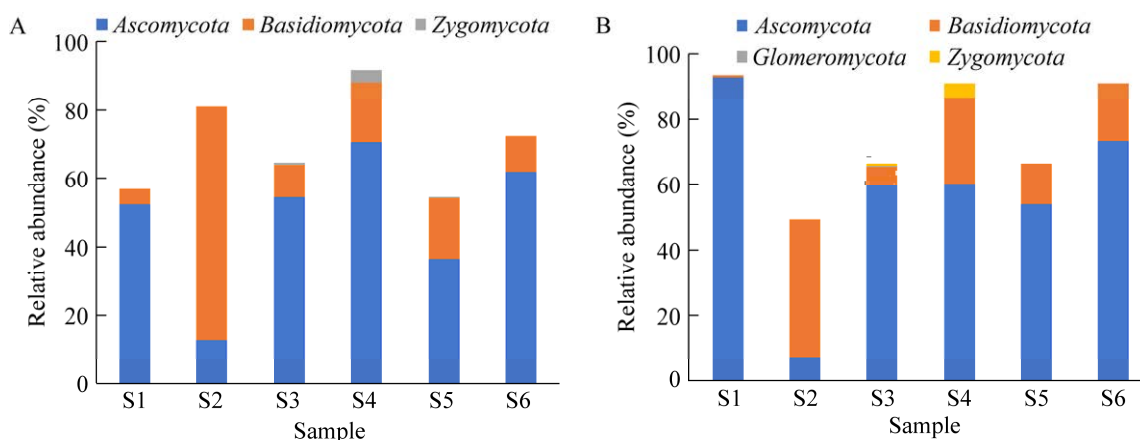


图 1 一年内监测库房中主要真菌组成门一级变化情况 A: 铁器库房. B: 丝织品库房. S1: 2020 年 8 月样品点; S2: 2020 年 10 月样品点; S3: 2020 年 12 月样品点; S4: 2021 年 2 月样品点; S5: 2021 年 4 月样品点; S6: 2021 年 6 月样品点

Figure 1 Monitor the first-level changes of major fungi in the warehouse within one year. A: The results of the iron warehouse. B: The results of the silk warehouse. S1: August 2020 sample; S2: October 2020 sample; S3: December 2020 sample; S4: February 2021 sample; S5: April 2021 sample; S6: June 2021 sample.

入真菌繁殖期的季节后, 藏品库房中的真菌种类会更加丰富。丝织品库房中未能进行分类学进一步鉴定的真菌, 其丰度也存在类似的变化趋势, 其波动范围在 5%–51% 之间。与铁器库房不同, 在秋季达其丰度达到最大值, 这可能与丝织品库房中的藏品来源、库房位置等因素相关。

从以上结果还可以发现, 相较于传统的基于沉降和培养方法取得的真菌信息, 采用扩增子测序方法获得的微生物在种类和数量上都有显著增加, 为全面地分析库房环境中的真菌组成和变化规律提供了更加丰富的数据支撑。与此同时, 通过扩增子测序, 还发现了大量的在温湿度较高的夏秋季节富集的未知真菌类型, 后续将进一步采用宏基因组测序等手段对这类真菌进行解析, 以期全面挖掘、鉴定与文物劣化相关的微生物种类。

## 2.2 不同库房环境真菌组成存在明显季节变化特征

为了进一步研究不同季节真菌组成的变化规律, 基于扩增子注释数据, 采用统计学方法对不同季节库房真菌的组成进行了差异分析。

首先采用 PLS-DA 对数据进行了分组比较。对铁器库房的分析结果显示(图 2A), 真菌组成不同时间样品的波动相对较大, 2020 年 10 月样品与其他月份样品出现了显著的分离, 说明这个时间点铁器库房中真菌多样性与其他采样点差异较大。2021 年 2 月、4 月、6 月和 2020 年 8 月、12 月样品均分布在右侧象限, 说明相较于 2020 年 10 月样品其组成相对差异较小。进一步采用 K 元主成分分析(K-mer PCA) (图 3A) 对真菌组成多样性进行了解析。结果显示, 聚类共获得 2 个簇, 除了 2020 年 8 月为单独一簇, 2021 年 2 月、4 月、6 月和 2020 年 10 月被聚类为同一个簇, 说明除了 2020 年 8 月份, 其他

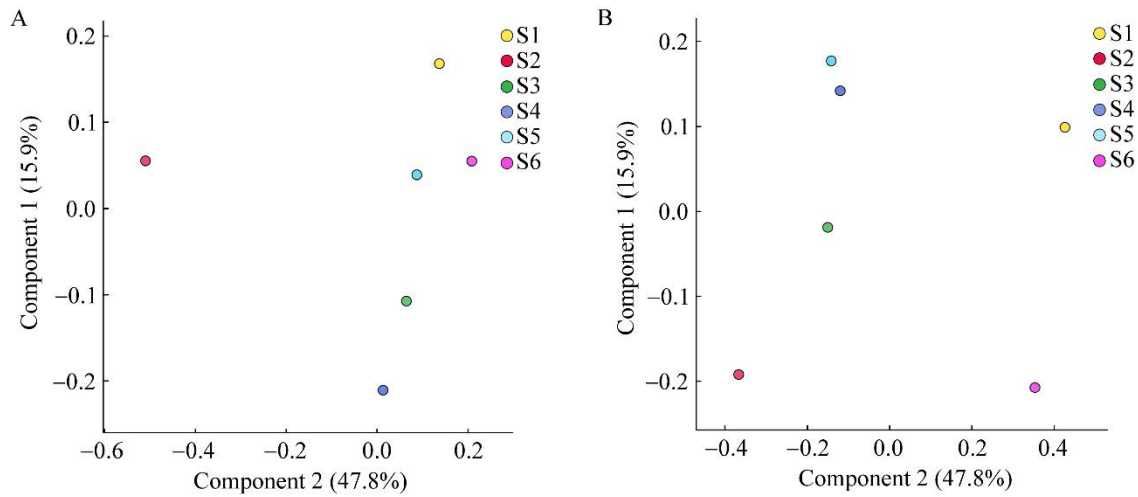
几个时间点样品真菌菌群的组成差异较小, 具有较高的组成相似性。PLS-DA 和 K-mer PCA 分析均显示铁器库房环境中, 虽然真菌组成呈现一定的季节波动性, 但在大部分监测时间点的组成相对稳定; 同时, 2020 年 10 月份样品存在较明显的真菌组成的特异性, 需要结合气候、人流情况、库房管理、空调等系统情况进行进一步调研后分析造成该波动的主要原因。

接下来, 采用同样的策略对丝织品库房真菌组成进行了分析。PLS-DA 分析结果显示(图 2B), 相较于铁器库房, 丝织品库房真菌随季节波动较为显著, 除了 2021 年 2 月和 4 月相对较为一致, 其他月份差异均表现得尤为显著。K-mer PCA 分析结果也显示(图 3B), 2020 年 8 月与 2021 年 6 月真菌组成较为接近, 2020 年 12 月与 2021 年 2 月、4 月真菌组成较为接近, 说明丝织品库房的真菌组成呈现一定的季节波动性, 在气候环境相对稳定的时间点, 其组成相对稳定。

## 2.3 不同库房受季节影响的真菌中存在多种潜在危害类群

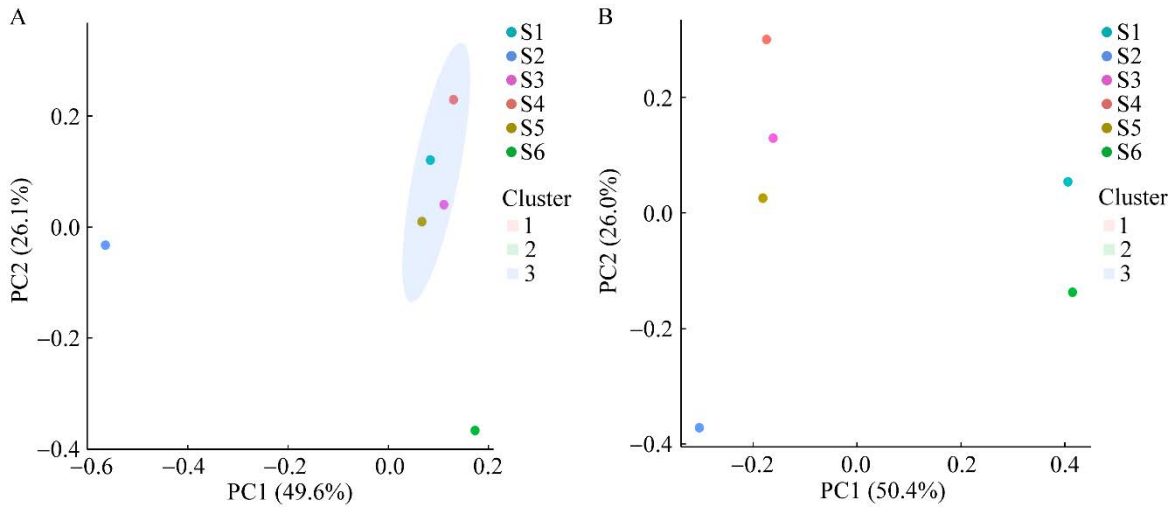
为了解析不同库房中受季节影响较为显著的真菌菌株, 进一步通过方差分析(analysis of variance, ANOVA), 研究了一年中铁器库房和丝织品库房中变化最为显著的真菌类型。

对于铁器库房, 通过对假发现率(false discovery rate, FDR)大于 0.01 的菌株进行筛选, 发现在 184 种真菌科中, 有 96 种在考察的 6 个时间点的样本中出现了显著的变化, 即季节波动性较为明显, 包括有线黑粉菌科(*Filobasidiaceae*)、丛赤壳科(*Nectriaceae*)、球腔菌科(*Mycosphaerellaceae*)、小穴壳菌科(*Dothioraceae*)、*Cystofilobasidiaceae*、被孢霉科(*Mortierellaceae*)、黑粉菌科(*Ustilaginaceae*)、马勃科(*Lycoperdaceae*)等科(图 4A)。进一步结合已有的文献报道, 对这些显著变化的真菌是否存在潜在的文物劣化能力进行了研究。其中,



**图 2** 一年内监测库房中主要真菌组成变化的 PLS-DA 分析结果 A: 铁器库房. B: 丝织品库房. S1: 2020 年 8 月样品点; S2: 2020 年 10 月样品点; S3: 2020 年 12 月样品点; S4: 2021 年 2 月样品点; S5: 2021 年 4 月样品点; S6: 2021 年 6 月样品点

Figure 2 The results of PLS-DA analysis for monitoring the composition changes of major fungi in the warehouse within one year. A: The results of the iron warehouse. B: The results of the silk warehouse. S1: August 2020 sample; S2: October 2020 sample; S3: December 2020 sample; S4: February 2021 sample; S5: April 2021 sample; S6: June 2021 sample.



**图 3** 一年内监测库房中主要真菌组成变化的 K-mer PCA 分析结果 A: 铁器库房. B: 丝织品库房. S1: 2020 年 8 月样品点; S2: 2020 年 10 月样品点; S3: 2020 年 12 月样品点; S4: 2021 年 2 月样品点; S5: 2021 年 4 月样品点; S6: 2021 年 6 月样品点

Figure 3 The results of K-mer PCA analysis for monitoring the composition changes of major fungi in the warehouse within one year. A: The results of the iron warehouse. B: The results of the silk warehouse. S1: August 2020 sample; S2: October 2020 sample; S3: December 2020 sample; S4: February 2021 sample; S5: April 2021 sample; S6: June 2021 sample.

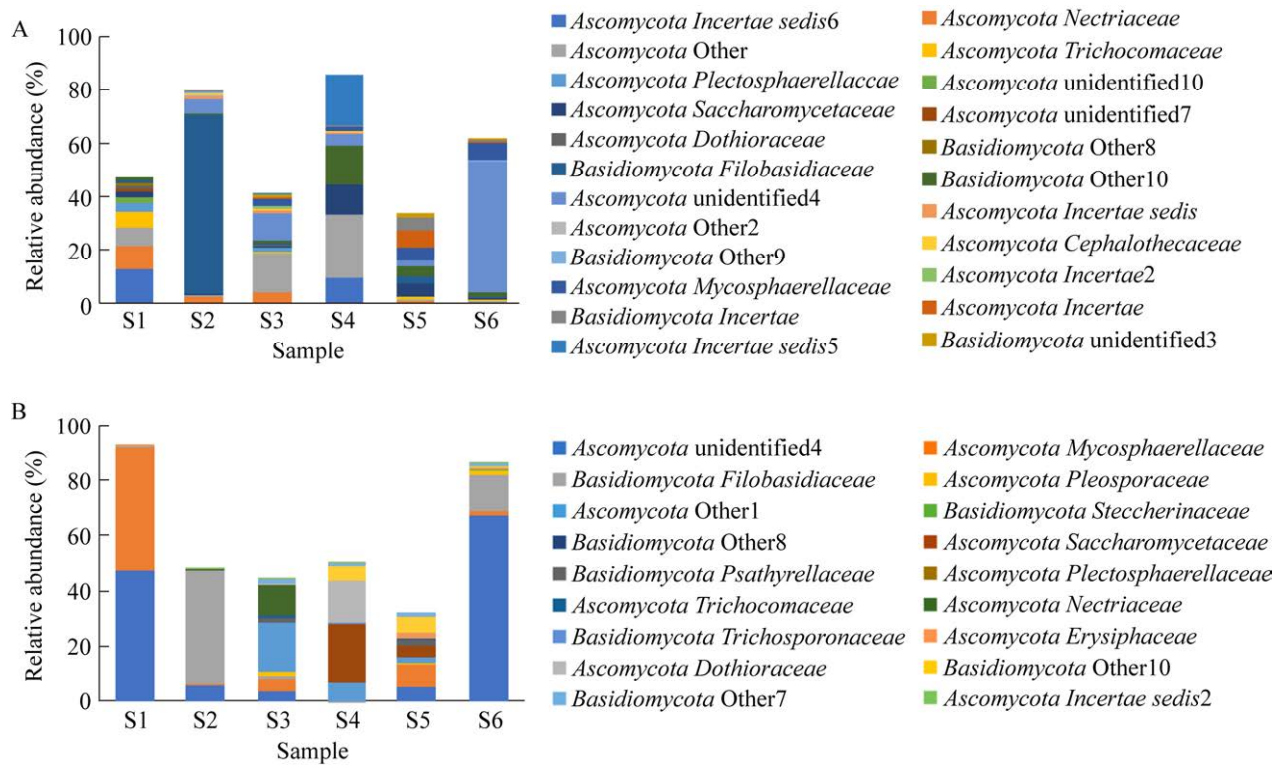


图4 一年中铁器库房和丝织品库房中变化最为显著的主要真菌种类 A: 铁器库房. B: 丝织品库房. S1: 2020年8月样品点; S2: 2020年10月样品点; S3: 2020年12月样品点; S4: 2021年2月样品点; S5: 2021年4月样品点; S6: 2021年6月样品点

Figure 4 The most significant changes in the major fungal species in the iron warehouse and silk warehouse during the year. A: The results of the iron warehouse. B: The results of the silk warehouse. S1: August 2020 sample; S2: October 2020 sample; S3: December 2020 sample; S4: February 2021 sample; S5: April 2021 sample; S6: June 2021 sample.

马勃科(*Lycoperdaceae*)中的部分菌属具有分泌有机酸类物质的能力<sup>[25-27]</sup>, 如果大量滋生将会对金属、木质等材质藏品产生较大危害, 并且其代谢物的挥发也会影响库房空气环境质量。研究显示, 被孢霉科(*Mortierellaceae*)中的部分菌属具有产生有机酸和降解木质纤维素的能力<sup>[28-30]</sup>, 可能对木质和纸质类藏品造成较为严重的损伤。铁器库房中部分藏品包含有木质组件, 因此需要关注该类微生物。*Cystofilobasidiaceae*科<sup>[31-33]</sup>中的部分菌属具有降解木质纤维素的能力, 对文物保存具有较大的危害; 其之所以在

库房中被检出, 可能是因为部分出土或有污染文物的携带, 也可能源于外部气候的变化、空调系统或者人员/物品流动带来的污染, 后续需要进一步调研确定。

丝织品库房的结果显示(图 4B), 通过 FDR 大于 0.01 的菌株进行筛选, 在 184 种真菌科中, 有 97 种存在显著的变化, 即季节波动性较为明显。包括有球腔菌科(*Mycosphaerellaceae*)、格孢菌科(*Pleosporaceae*)、齿耳菌科(*Steccherinaceae*)、鬼伞科(*Psathyrellaceae*)、丝孢酵母科(*Trichosporonaceae*)、被孢霉科(*Mortierellaceae*)、小

囊菌科(*Microascaceae*)、口蘑科(*Tricholomataceae*)、球囊霉科(*Glomeraceae*)、生赤壳科(*Bionectriaceae*)、伞菌科(*Agaricaceae*)等。其中小囊菌科(*Microascaceae*)<sup>[34-37]</sup>、口蘑科(*Tricholomataceae*)<sup>[38]</sup>、球囊霉科(*Glomeraceae*)<sup>[39]</sup>、生赤壳科(*Bionectriaceae*)<sup>[40-41]</sup>、伞菌科(*Agaricaceae*)<sup>[42]</sup>等均为较常见真菌科,已有的报道显示其部分菌属能够利用蛋白质、木质纤维素等生长,并且在生长过程中能分泌酸类物质,这些真菌的大量滋生对文物具有较大的潜在危害。由于被孢霉科(*Mortierellaceae*)中的部分菌属具有木质纤维素降解能力<sup>[28-30]</sup>,在存放有纸质、漆木器等藏品的库房需要特别关注此类真菌。

以上结果显示,不同的库房,其主要真菌种类存在较为明显的差异,说明不同文物保藏库房,由于文物自身携带、环境因素、人员和文物流动等因素,导致了其真菌组成具有一定的库房特异性,其出现显著波动的菌株也存在较为明显的差异,文物劣化相关真菌的研究与防控需要依据文物种类等多种信息进行针对性综合分析。

### 3 讨论

随着博物馆藏品预防性保护工作和相关研究的发展,藏品保存环境中的微生物越来越受到文物保护工作者的关注,国内外多家博物馆陆续开展了博物馆室内环境微生物的研究<sup>[43-46]</sup>。从研究场景看,主要是集中在博物馆的展厅和公共开放空间,鲜有针对不同材质藏品库房环境微生物的相关研究。对于绝大多数博物馆而言,库房是其藏品存放时间最长的环境场景,库房环境质量直接关系到藏品保护状态。空气中的微生物与文物的生物损害之间存在显著相关性<sup>[47]</sup>,空气中可存活的微生物孢子是文物保存的主要威胁因素之一<sup>[48]</sup>。因此,定期开展博物馆藏品库

房环境中空气微生物监测和研究,对于降低藏品菌害风险、实现藏品预防性保护显得至关重要<sup>[49]</sup>。文物藏品的材质种类繁多,而且不同材质其稳定性存在较大差别。综合考虑文物的材质以及藏品的稳定性,本研究分别选取了无机材质的铁器库房和有机材质为主的丝织品库房作为研究对象,采用扩增子测序方式对一年内的真菌变化进行了连续检测。

本研究结果发现,铁器和丝织品库房在全年大部分时间均可检测到丛赤壳科(*Nectriaceae*)、发菌科(*Trichocomaceae*)、癣囊腔菌科(*Plectosphaerellaceae*)、酵母菌科(*Saccharomycetaceae*)、隐囊菌科(*Dothioraceae*)、球腔菌科(*Mycosphaerellaceae*)等真菌种类的存在,说明这些菌群或可能为库房的主要核心真菌群落,其形成或与库房环境、新风系统等密切相关。同时,对不同季节变化真菌的研究显示,铁器库房和丝织品库房在不同季节主要富集的真菌类型及随季节波动存在差异的真菌类群,虽然在门一级水平存在较大的相似性,但是具体到科水平则在组成种类和丰度上均存在着较为明显的差异,如鬼伞科(*Psathyrellaceae*)、头孢菌科(*Cephalothecaceae*)等。考虑到两个库房处于同一个库区环境条件和同一套新风系统下,藏品本身所携带的菌株以及在不同材质上易于滋生的真菌,可能是造成这种差异的主要原因。后续需进一步设计实验,通过对比藏品本体携带真菌与空气真菌组成,确定库房特异性真菌的来源。此外,从结果发现,在秋季(2020年10月)两个库房的担子菌门(*Basidiomycota*)的线黑粉菌科(*Filobasidiaceae*)的丰度显著富集且其相对丰度比例具有相似性,可能与博物馆空调系统在每年9-10月份由夏季除湿模式更改为加湿模式的模式切换相关,导致了菌群组成的剧烈变化,后续还需进一步实验验证。



当前绝大多数博物馆库房都引入了温湿度等环境控制系统, 为藏品提供更稳定的保存环境, 以降低藏品劣化风险。本研究通过对库房环境中一年内真菌组成的追踪, 发现即使在有环境控制条件的库房环境中, 受季节变化、人员流动、藏品流转等因素的影响, 库房真菌的组成依然出现了显著的季节波动性, 众多具有潜在危害性的真菌存在较为明显的季节分布特征, 藏品面临的微生物劣化风险更加复杂多变。因此后续在对博物馆藏品库房环境真菌开展研究以及采取菌害防控措施时, 需要综合考虑季节变化、人员流动和藏品流转等多方面因素, 建立更加具有针对性和有效性的藏品库房环境菌害监控体系。

## 4 结论

(1) 本研究通过ITS扩增子测序的方法对2个库房的真菌季节性分布进行了系统的监测。结果显示, 2个库房在真菌种类上存在较为显著的库房特异性。同时, 从时间尺度上, 发现两个库房的真菌多样性还存在一定的时间波动性, 部分菌株丰度的变化或与外界气候的变化相关; 此外, 存在较为明显季节性波动的真菌菌株也存在一定的库房差异, 可能与库房藏品的材质和其携带的真菌相关。

(2) 本研究在一年的时间内, 对博物馆典型藏品材质库房环境进行了不依赖于培养技术的环境真菌多样性分析, 获得了更加丰富的真菌组成信息, 发现了库房真菌多样性变化的相关特征, 为后续进一步结合藏品损伤鉴定生物劣化关键真菌种类、解析真菌导致的藏品劣化机理提供了关键基础数据, 对建立针对不同藏品类型、不同气候周期的藏品损伤与真菌的关联性模型、研发博物馆环境有害真菌预警装备提供了基本思路, 具有重要的科研和应用价值。

## 参考文献

- [1] 张慧, 张金萍, 朱庆贵. 霉菌对纸张化学性能影响的研究[J]. 中国造纸, 2015, 34(3): 31-34.  
ZHANG H, ZHANG JP, ZHU QG. Effect of mold on paper chemical property[J]. China Pulp & Paper, 2015, 34(3): 31-34 (in Chinese).
- [2] DAKAL TC, ARORA PK. Evaluation of potential of molecular and physical techniques in studying biodeterioration[J]. Reviews in Environmental Science and Bio/Technology, 2012, 11(1): 71-104.
- [3] SAKR AA, GHALY MF, HELAL GE, ABDEL HALIEM MEF. Effect of thymol against fungi deteriorating mural paintings at tell basta tombs, lower Egypt[J]. International Journal of Research Studies in Biosciences, 2018, 6(2): 8-23.
- [4] 郑晓霞, 张诺, 胡南. 纸质文物上的“寄居者”[J]. 南京工业大学学报(自然科学版), 2018, 40(1): 101-105.  
ZHENG XX, ZHANG N, HU N. “Dweller” on paper cultural relics[J]. Journal of Nanjing Tech University (Natural Science Edition), 2018, 40(1): 101-105 (in Chinese).
- [5] WU FS, WANG WF, FENG HY, GU JD. Realization of biodeterioration to cultural heritage protection in China[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2017, 117: 128-130.
- [6] ZUCCONI L, GAGLIARDI M, ISOLA D, ONOFRI S, ANDALORO MC, PELOSI C, POGLIANI P, SELBMANN L. Biodeterioration agents dwelling in or on the wall paintings of the Holy Saviour's cave (Vallerano, Italy)[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2012, 70: 40-46.
- [7] NUGARI MP, PIETRINI AM, CANEVA G, IMPERI F, VISCA P. Biodeterioration of mural paintings in a rocky habitat: the Crypt of the Original Sin (Matera, Italy)[J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2009, 63(6): 705-711.
- [8] UROZ S, CALVARUSO C, TURPAULT MP, FREY-KLETT P. Mineral weathering by bacteria: ecology, actors and mechanisms[J]. Trends in Microbiology, 2009, 17(8): 378-387.
- [9] DUPONT J, JACQUET C, DENNETIÈRE B, LACOSTE S, BOUSTA F, ORIAL G, CRUAUD C, COULOUX A, ROQUEBERT MF. Invasion of the French paleolithic painted cave of Lascaux by members of the *Fusarium solani* species complex[J]. Mycologia, 2007, 99(4): 526-533.

- [10] TAYLER S, MAY E. A comparison of methods for the measurement of microbial activity on stone[J]. *Studies in Conservation*, 1995, 40(3): 163-170.
- [11] CAPODICASA S, FEDI S, PORCELLI AM, ZANNONI D. The microbial community dwelling on a biodeteriorated 16th century painting[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2010, 64(8): 727-733.
- [12] del MAR LÓPEZ-MIRAS M, MARTÍN-SÁNCHEZ I, YEBRA-RODRÍGUEZ Á, ROMERO-NOGUERA J, BOLÍVAR-GALIANO F, ETTENAUER J, STERFLINGER K, PIÑAR G. Contribution of the microbial communities detected on an oil painting on canvas to its biodeterioration[J]. *PLoS One*, 2013, 8(11): e80198.
- [13] PIÑAR G, KRAKOVÁ L, PANGALLO D, PIOMBINO-MASCALI D, MAIXNER F, ZINK A, STERFLINGER K. Halophilic bacteria are colonizing the exhibition areas of the Capuchin Catacombs in Palermo, Italy[J]. *Extremophiles*, 2014, 18(4): 677-691.
- [14] 张国庆, 王方, 李根, 任萌. 夏季故宫养心殿空气中真菌的调查与分析[J]. *微生物学报*, 2022, 62(11): 4397-4413.  
ZHANG GQ, WANG F, LI G, REN M. An investigation and analysis of airborne fungi in summer in the Hall of Mental Cultivation of the Forbidden City[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(11): 4397-4413 (in Chinese).
- [15] 何砚秋, 蒋璐蔓, 陈俊橙, 王宁, 肖麟, 王冲, 李思凡, 曲靖文, 程乾, 石雪雪, 谭玉兰, 曹雪笛, 张紫薇, 邹立扣, 赵珂. 三星堆出土古象牙表面病害微生物分离鉴定及抑菌剂效果评价[J]. *应用与环境微生物学报*, 2022, 28(3): 543-552.  
HE YQ, JIANG LM, CHEN JC, WANG N, XIAO L, WANG C, LI SF, QU JW, CHENG Q, SHI XX, TAN YL, CAO XD, ZHANG ZW, ZOU LK, ZHAO K. Isolation and identification of microbial diseases breeding on the surface of ancient Ivory unearthed from the Sanxingdui Ruins and evaluation of the inhibition effect of antimicrobial agents[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2022, 28(3): 543-552 (in Chinese).
- [16] 唐欢, 范文奇, 王春, 张丽龙. 重庆中国三峡博物馆小环境空气微生物种属与数量的动态研究[J]. *文物保护与考古科学*, 2017, 29(1): 35-43.  
TANG H, FAN WQ, WANG C, ZHANG LL. A dynamic study on the species and quantity of microorganisms in the micro-environment, Chongqing China Three Gorges Museum[J]. *Sciences of Conservation and Archaeology*, 2017, 29(1): 35-43 (in Chinese).
- [17] WU DD, SONG ZW, XU AL, ZHENG Y, XIA Y. Metabolic characteristics and community diversities of airborne microbes at different functional regions in Qingdao in winter[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(7): 2277-2284.
- [18] SPERLING T, O'NEIL D, NIECIECKI V, SMITH P, SCHROEER S, SCHOLLE N, POLIDORI M, SPRENGER-HAUSSELS M. Novel procedure for improved results in soil microbiome analysis using the DNeasy® PowerSoil® Pro Kit[R]. Germany: QIAGEN GmbH, 2018.
- [19] LIGUORI G, LAMAS B, RICHARD ML, BRANDI G, Da COSTA G, HOFFMANN TW, Di SIMONE MP, CALABRESE C, POGGIOLI G, LANGELLA P, CAMPIERI M, SOKOL H. Fungal dysbiosis in mucosa-associated microbiota of Crohn's disease patients[J]. *Journal of Crohn's and Colitis*, 2016, 10(3): 296-305.
- [20] MAGOČ T, SALZBERG SL. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [21] CAPORASO JG, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, BITTINGER K, BUSHMAN FD, COSTELLO EK, FIERER N, PEÑA AG, GOODRICH JK, GORDON JI, HUTTLEY GA, KELLEY ST, KNIGHTS D, KOENIG JE, LEY RE, LOZUPONE CA, McDONALD D, MUEGGE BD, PIRRUNG M, REEDER J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7: 335-336.
- [22] 杨敏, 殷绒, 张国涛, 邵建辉, 杜飞邓, 维萍, 朱书生. 基于高通量测序技术的香格里拉葡萄酒产区根际微生物多样性研究[J]. *云南农业大学学报(自然科学)*, 2020, 35(3): 392-400.  
YANG M, YIN R, ZHANG GT, SHAO JH, DU F, DENG WP, ZHU SS. Study on the grape rhizosphere microbial diversity in Shangri-La Wine Region by high-throughput sequencing technology[J]. *Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science)*, 2020, 35(3): 392-400 (in Chinese).
- [23] MACINTYRE DA, CHANDIRAMANI M, LEE YS, KINDINGER L, SMITH A, ANGELOPOULOS N, LEHNE B, ARULKUMARAN S, BROWN R, TEOH TG, HOLMES E, NICOHOLSON JK, MARCHESI JR,

- BENNETT PR. The vaginal microbiome during pregnancy and the postpartum period in a European population[J]. *Scientific Reports*, 2015, 5: 8988.
- [24] 肖慧琳, 王建萍, 杨业凯, 郑秋玲, 徐维华, 宫磊, 宋志忠, 唐美玲, 刘万. 基于高通量测序技术的阳光玫瑰不同砧木根际微生物多样性研究[J]. *果树学报*, 2022, 39(9): 1639-1648.
- XIAO HL, WANG JP, YANG YK, ZHENG QL, XU WH, GONG L, SONG ZZ, TANG ML, LIU WH. Analysis of microbial diversity in rhizosphere soil of Shine Muscat grape on different rootstocks using high-throughput sequencing[J]. *Journal of Fruit Science*, 2022, 39(9): 1639-1648 (in Chinese).
- [25] COETZEE JOHANNES C, VAN WYK ABRAHAM E. The genus *Calvatia* (Gasteromycetes, Lycoperdaceae): a review of its ethnomycolgy and biotechnological potential[J]. *African Journal of Biotechnology*, 2009, 8(22): 6007-6015.
- [26] 江盈, 邹锋, 黄建, 戴伟红, 左荣花, 田诗义, 熊欢. 六个外生菌根真菌菌株在不同难溶性磷源下的溶磷特性[J]. *菌物学报*, 2023, 42(6): 1311-1329.
- JIANG Y, ZOU F, HUANG J, DAI WH, ZUO RH, TIAN SY, XIONG H. Phosphorus dissolving characteristics of six ectomycorrhizal fungal strains under different insoluble phosphorus sources[J]. *Mycosystema*, 2023, 42(6): 1311-1329 (in Chinese).
- [27] 丁晓桐, 汤清涵, 王裔惟, 闵文, 孙旭, 尹少平, 顾薇, 陈军. 马勃的化学成分研究进展及其在创面修复中的应用[J]. *南京中医药大学学报*, 2021, 37(4): 609-618.
- DING XT, TANG QH, WANG YW, MIN W, SUN X, YIN SP, GU W, CHEN J. The chemical constituents and application prospects on wound healing of lasiosphaera seu *Calvatia*[J]. *Journal of Nanjing University of Traditional Chinese Medicine*, 2021, 37(4): 609-618 (in Chinese).
- [28] OLIVEIRA RB, ROBL D, IENCZAK JL. Potential of Mortierellaceae for polyunsaturated fatty acids production: mini review[J]. *Biotechnology Letters*, 2023, 45(7): 741-759.
- [29] KOECHLI C, CAMPBELL AN, PEPE-RANNEY C, BUCKLEY DH. Assessing fungal contributions to cellulose degradation in soil by using high-throughput stable isotope probing[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 130: 150-158.
- [30] 宁琪, 陈林, 李芳, 张丛志, 马东豪, 蔡泽江, 张佳宝. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响[J]. *土壤学报*, 2022, 59(1): 206-217.
- NING Q, CHEN L, LI F, ZHANG CZ, MA DH, CAI ZJ, ZHANG JB. Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(1): 206-217 (in Chinese).
- [31] ŠUCHOVÁ K, FEHÉR C, RAVN JL, BEDŮ S, BIELY P, GEIJER C. Cellulose- and xylan-degrading yeasts: enzymes, applications and biotechnological potential[J]. *Biotechnology Advances*, 2022, 59: 107981.
- [32] SONG CL, LIU GL, XU JL, CHI ZM. Purification and characterization of extracellular  $\beta$ -galactosidase from the psychrotolerant yeast *Guehomyces pullulans* 17-1 isolated from sea sediment in *Antarctica*[J]. *Process Biochemistry*, 2010, 45(6): 954-960.
- [33] TSUJI M, TANABE Y, VINCENT WF, UCHIDA M. *Mrakia arctica* sp. nov., a new psychrophilic yeast isolated from an ice island in the Canadian High Arctic[J]. *Mycoscience*, 2018, 59(1): 54-58.
- [34] HAMADA N, BABA T, SAKUMA D. Culturable keratinophilic fungi isolated from house dust by hair-baiting technique[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2024, 186: 105702.
- [35] VENICE F, SPINA F, DAVOLOS D, GHIGNONE S, VARESE GC. The genomes of *Scedosporium* between environmental challenges and opportunism[J]. *IMA Fungus*, 2023, 14(1): 25.
- [36] ABBOTT SP, SIGLER L. Heterothallism in the Microascaceae demonstrated by three species in the *Scopulariopsis brevicaulis* series[J]. *Mycologia*, 2001, 93(6): 1211.
- [37] 李静, 孙琴, 赵筱萌, 王雪薇. 中国小囊菌科的研究[J]. *菌物研究*, 2012, 10(1): 13-19.
- LI J, SUN Q, ZHAO XM, WANG XW. Study of the Microascaceae from China[J]. *Journal of Fungal Research*, 2012, 10(1): 13-19 (in Chinese).
- [38] BARRASA J, ESTEVE-RAVENTÓS F, DÄHNCKE RM. Fungal diversity *Clitocybula canariensis* (*Tricholomataceae*), a new brown-rot fungus from the Canary Islands (Spain)[J]. *Fungal Diversity*, 2006, 22: 1-11.
- [39] KAUR S, CAMPBELL BJ, SUSEELA V. Root metabolome of plant-arbuscular mycorrhizal symbiosis mirrors the mutualistic or parasitic mycorrhizal phenotype[J]. *The New Phytologist*, 2022, 234(2): 672-687.
- [40] CHIBA DE CASTRO WA, VAZ GCO, SILVA MATOS DMD, VALE AH, BUENO ACP, FAGUNDES LFG, COSTA LD, BONUGLI SANTOS

- RC. The invasive *Tradescantia zebrina* affects litter decomposition, but it does not change the lignocellulolytic fungal community in the Atlantic forest, Brazil[J]. *Plants*, 2023, 12(11): 2162.
- [41] 刘琴英, 蒋冬花, 齐育平, 陈璨, 谢祥聪, 孙蕾. 淡色生赤壳菌 Bo-1 菌株拮抗物质的分离纯化、解析及活性分析[J]. *植物保护学报*, 2014, 41(1): 41-44.  
LIU QY, JIANG DH, QI YP, CHEN C, XIE XC, SUN L. Isolation, identification and activity analysis of antimicrobial compound from *Bionectria ochroleuca* strain Bo-1[J]. *Journal of Plant Protection*, 2014, 41(1): 41-44 (in Chinese).
- [42] VELLINGA EC. Ecology and distribution of lepiotaceous fungi (Agaricaceae): a review[J]. *Nova Hedwigia*, 2004, 78(3/4): 273-299.
- [43] GYSELS K, DELALIEUX F, DEUTSCH F, van GRIEKEN R, CAMUFFO D, BERNARDI A, STURARO G, BUSSE HJ, WIESER M. Indoor environment and conservation in the Royal Museum of Fine Arts, Antwerp, Belgium[J]. *Journal of Cultural Heritage*, 2004, 5(2): 221-230.
- [44] LECH T, ZIEMBINSKA-BUCZYNSKA A. Evaluation of a modified sampling method for molecular analysis of air microflora[J]. *Genetics and Molecular Research*, 2015, 14(2): 3200-3208.
- [45] CHEN YP, CUI Y, DONG JG. Variation of airborne bacteria and fungi at Emperor Qin's *Terra-Cotta* Museum, Xi'an, China, during the "Oct. 1" Gold Week Period of 2006[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2010, 17(2): 478-485.
- [46] DUAN YL, WU FS, WANG WF, HE DP, GU JD, FENG HY, CHEN T, LIU GX, AN LZ. The microbial community characteristics of ancient painted sculptures in Maijishan Grottoes, China[J]. *PLoS One*, 2017, 12(7): e0179718.
- [47] 段育龙, 武发思, 汪万福, 贺东鹏, 卢秀善. 天梯山石窟壁画保存环境中空气细菌的季节性变化[J]. *微生物学通报*, 2019, 46(3): 468-480.  
DUAN YL, WU FS, WANG WF, HE DP, LU XS. Seasonal variation of airborne bacteria of the Tiantishan Grottoes and Western Xia Museum, Wuwei[J]. *Microbiology China*, 2019, 46(3): 468-480 (in Chinese).
- [48] 武发思, 李洁. 古代壁画的微生物损害及防治研究新进展[J]. *石窟与土遗址保护研究*, 2022, 1(2): 27-41.  
WU FS, LI J. Advances of microbial deterioration of ancient wall paintings and its controlling strategies[J]. *Research on the Conservation of Cave Temples and Earthen Sites*, 2022, 1(2): 27-41 (in Chinese).
- [49] LAZARIDIS M, KATSIVELA E, KOPANAKIS I, RAISI L, PANAGIARIS G. Indoor/outdoor particulate matter concentrations and microbial load in cultural heritage collections[J]. *Heritage Science*, 2015, 3(1): 34.