

棉袜中微生物菌落结构分析及分离鉴定

王梦娣¹, 任泽华¹, 王婷霞¹, 方冠宇², 刘颖昕¹, 杨青波³, 刘建立^{*1}

(1. 江南大学 纺织科学与工程学院, 江苏 无锡 214122; 2. 浙江农林大学 食品与健康学院, 浙江 杭州 311300; 3. 无锡小天鹅电器有限公司, 江苏 无锡 214035)

摘要:为了探究居民穿过的棉袜表面微生物的种类和菌群结构,以广东地区为例,通过高通量测序技术分析棉袜表面的真菌群落组成,并结合培养基划线分离纯化对棉袜表面的优势真菌进行鉴定。从棉袜表面初步分离鉴定出5种不同的真菌,并对真菌核糖体DNA内部转录间隔区序列进行分析,确定其为烟曲霉、黑曲霉、短柄帚霉、杂色曲霉和球孢枝孢。采用高通量测序技术分析真菌群落组成,发现棉袜中占绝对优势的真菌门为子囊菌门和担子菌门,平均相对丰度大于5%的真菌属为枝孢菌属、红酵母属、假丝酵母属和曲霉属。采用 FUNGuild 进行功能预测,发现棉袜中真菌群落的功能以腐生为主。研究结果为抑菌袜的研发和真菌交叉感染的预防提供参考。

关键词: 棉袜;高通量测序;菌落结构;纯化与鉴定;序列分析

中图分类号:TS 116;S 435.62 文献标志码:A 文章编号:2096-1928(2024)05-0377-07

Analysis, Isolation and Identification of Microbial Colony Structure in Cotton Socks

WANG Mengdi¹, REN Zehua¹, WANG Tingxia¹, FANG Guanyu²,
LIU Yingxin¹, YANG Qingbo³, LIU Jianli^{*1}

(1. College of Textile Science and Engineering, Jiangnan University, Wuxi 214122, China; 2. College of Food and Health, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, China; 3. Wuxi Little Swan Electrical Appliance Co., Ltd., Wuxi 214035, China)

Abstract: In order to explore the diversity and structure of microorganisms on the surface of cotton socks worn by residents, taking Guangdong Province as an example, the fungal community composition on the surface of cotton socks was analyzed by high-throughput sequencing technology, and the dominant fungi on the surface of cotton socks were identified with the isolation and purification of culture medium. Five different fungi were isolated and identified from the surface of cotton socks by 18S rDNA-ITS sequence analysis. They were identified as *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus niger*, *Scopulariopsis brevicaulis*, *Aspergillus variegatus* and *Cladosporium sphaerosporum*. Through the analysis of fungal community composition by high-throughput sequencing technology, it was found that Ascomycetes and Basidiomycetes were the predominant fungal phyla in cotton socks, and *Cladosporium*, *Rhodotorula*, *Candida* and *Aspergillus* were the fungal genera with average abundance greater than 5%. FunGuild function prediction shows that the function of fungal community in cotton socks is mainly saprophytic. The results provide reference for the research and development of antibacterial socks and the prevention of fungal cross infection.

Key words: cotton socks, high-throughput sequencing, colony structure, purification and identification, sequence analysis

在袜子与足部构成的微环境中存在大量微生物,它们与足部皮肤和袜子形成共生系统。该系统

中,足部分泌的汗液、脱落的皮肤角质层以及鞋-袜-足三者之间形成的闷热环境为微生物提供了适

收稿日期:2023-12-26; 修订日期:2024-06-29。

基金项目:江苏省研究生科研与实践创新计划项目(SJCX22_1109)。

作者简介:王梦娣(1999—),女,硕士研究生。

* 通信作者:刘建立(1980—),男,教授,博士生导师。主要研究方向为纺织品与服装洗护。Email: jian-li.liu@hotmail.com

宜的生存条件和丰富的营养物质,从而导致微生物的大量滋生和繁殖^[1-2]。各种细菌、真菌的快速生长直接影响到足部的舒适及人体的健康,细菌的滋生会分解皮脂中的角蛋白和汗液中的乳酸成分,产生含有各种气味的代谢物,导致脚臭、异味^[3-4];而致病真菌的产生也会引起脚部瘙痒、足癣等真菌感染类皮肤病,甚至由于生活习惯的原因造成病菌交叉感染,严重危害人体健康^[5-7]。

棉织物是袜子品类中最常见的材质。棉织物舒适、透气且亲肤透湿,但也正因如此,成了微生物繁衍的温床^[8]。广东是中国的南部沿海地区,属于热带季风气候,年平均温度较高,降水量较大,具有温暖潮湿的气候特点。在此环境条件下,纺织品上极易滋生微生物。棉袜上滋生的微生物主要包括细菌和真菌,然而目前绝大多数抗菌材料是以抑制金黄色葡萄球菌和大肠杆菌为主要研究方向^[9-10],对纺织品上真菌微生物的研究相对较少。因此,文中选择生活中常见且必需的纺织品——棉袜为研究对象,以广东地区居民穿过的棉袜为试样,采用高通量基因测序技术开展菌落结构分析和功能预测,并结合传统的平板划线法对棉袜表面的真菌进行分离纯化,通过内部转录间隔区(internal transcribed spacer, ITS)测序分析,实现棉袜上真菌的种属鉴定,为棉袜靶向抑菌、抗菌提供实验支持。

1 样本与方法

1.1 样本与仪器

1.1.1 样本收集 面向广东省居民收集日常穿着且未清洗的棉袜,收集时间为2023年6月。收集到来自广东省广州市、揭阳市、湛江市、东莞市、茂名市和佛山市6个地级市的居民棉袜共12双(每个地级市收集男袜、女袜各1双),收集地涵盖了广东省东、西、中部地区。12名志愿者年龄处于20~30岁之间,其将袜子连续穿着3天,每日穿着时间大于10 h。

1.1.2 仪器 AX4202ZH/E电子天平,奥豪斯仪器(常州)有限公司制造;BSD-YF2200立式双层精密摇床、DZF-6050真空干燥箱、YXQ-LS-75G立式压力蒸汽灭菌锅,均由上海博讯实业有限公司制造;LHS-80HC-II恒温恒湿箱,上海一恒科学仪器有限公司制造;NU-425-400S生物安全柜,美国Nuair公司制造。

1.2 方法

1.2.1 样本的准备 将所有样本以地级市为单位划分为6份,用无菌剪刀将袜子脚趾及前后脚掌部分裁剪为1 cm×1 cm的织物碎片,将碎片按地级市

分类后,逐一混合均匀存放至无菌袋内密封备用,并做好标记。将磷酸盐缓冲液(phosphate buffer saline, PBS)与孟加拉红培养基用高压灭菌锅在121℃条件下灭菌20 min。

1.2.2 样本高通量测序 将同一地级市的织物碎片等量混合,取25 g混合样本,加入225 mL的PBS;将混合后的溶液放入摇床,设置摇床参数(28℃、150 r/min),振荡30 min,而后在无菌环境下吸取2.0 mL溶液至灭菌处理过的EP管(ependorf管,是一种微量离心管)中,使用封口膜将EP管封好,用干冰保存后送往天津诺禾致源生物信息科技有限公司进行高通量测序。样本信息见表1。

表 1 样本信息

Tab. 1 Sample information

采集样本地级市	样本编号	备份编号
广州	GZ	GZ-1
揭阳	JY	JY-1
湛江	ZJ	ZJ-1
东莞	DG	DG-1
茂名	MM	MM-1
佛山	FS	FS-1

1.2.3 数据处理及分析 测序得到的原始数据存在一定比例的干扰数据,需对原始数据进行拼接、过滤,得到有效数据,再使用DADA2(divisive amplicon denoising algorithm 2)进行降噪^[11],从而获得最终的特征序列,称为ASVs(amplicon sequence variants)。采用QIIME2软件,基于UNITE(v8.0)数据库对每个ASV序列进行比对和分类学注释,并分析物种组成和多样性指数^[12-13]。计算不同组棉袜样本群落的香农(Shannon)指数、辛普森(Simpson)指数、Chao1指数、毗卢(Pielou)指数以及覆盖率(good's coverage)指数,并绘制出对应的稀释曲线。

1.2.4 菌株的分离纯化 参照GB 4789.15—2016《食品安全国家标准 食品微生物学检验 霉菌和酵母计数》^[14]中真菌的分离纯化方法,称取10 g混合均匀的样本加入90 mL PBS中,在(28±2)℃、150 r/min条件下摇床振荡24 h,制成含菌量与PBS体积比为1:10的菌液,并在无菌环境下进行梯度稀释,共稀释成6个梯度。在各梯度条件下均吸取0.1 mL菌液至孟加拉红培养基上,用一次性涂布棒均匀涂布,每个梯度做3个平行样品,将其置于(28±2)℃、85%相对湿度条件下的真菌培养箱中倒置培养5 d。随后,观察平板中菌落的大小、颜色以及形态,挑取不同菌种的少量菌丝分别划线接种于孟加拉红培养基,在(28±2)℃、85%相对湿度条件下培养5~7 d。最后挑选典型的真菌菌落点植接种到

培养基中,重复分离纯化2~3次,得到形态单一的纯菌种。

1.2.5 菌落形态观察 将纯化的菌种用无菌环接种于孟加拉红培养基平板中,在(28±2)℃、85%相对湿度条件下置于真菌培养箱中倒置培养7 d,在此过程中观察真菌菌落的生长状况、颜色、表面高度以及形态大小等特点。根据《真菌鉴定手册》^[15]进行初步鉴定。

1.2.6 多聚酶链式反应扩增测序及序列分析 基于 ITS 测序对分离纯化得到的菌株进行分子鉴定,选用引物为 ITS1 (5′-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3′)和 ITS4 (5′-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3′)^[16]。采用多聚酶链式反应 (polymerase chain reaction, PCR) 技术选取 50 μL 反应体系,包含模板引物 1 μL,ITS1 和 ITS4 引物各 1 μL,脱氧核糖核苷三磷酸 1 μL,Taq 酶缓冲液 5 μL,氯化镁 5 μL,标签酶 0.5 μL,加入双蒸水 35.5 μL。PCR 反应流程为:95℃下预变性 3 min,94℃下变性 20 s,72℃下延伸 50 s,以此循环 35 次后,在 72℃下保温 5 min。样本的序列测定由天霖生物科技(上海)有限公司完成。

将测序结果输入美国国家生物技术信息中心 (National Center for Biotechnology Information,NCBI) 核酸序列数据库中,采用序列对比工具 BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) 进行同源性对比,挑选出与检测菌株同源性高于 99% 且分类地位明确的真菌菌株^[2]。运用 MEGA11.0 软件中的邻接法 (neighbor-joining) 构建系统进化树,并通过自举分析 (bootstrap) 进行置信度检测,自举数据集次数为 1 000 次^[17]。

2 结果与分析

2.1 棉袜中真菌群落结构分析

2.1.1 微生物 α 多样性分析 稀释曲线可以体现样本测序数据量的合理性,样本有效序列计算后的 Shannon 稀释曲线如图 1 所示。由图 1 可以看出,6

份样本的稀释曲线随着测序数量的增加逐渐达到平缓,说明测序数据量充足,样本中绝大部分微生物的物种信息可以被反映。

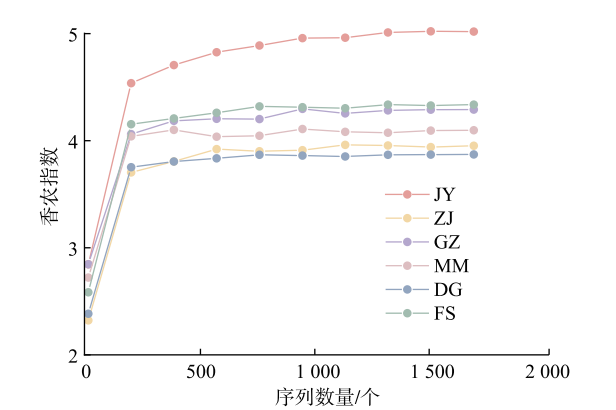


图 1 样本中真菌的稀释曲线
Fig.1 Dilution curves of the fungi in the samples

α 多样性指数可以反映样本内微生物群落的丰富度和多样性,常用的 α 多样性指数包括 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1、Pielou 指数、覆盖率指数等。其中,Chao1 用于表示群落的丰富度;Shannon 指数和 Simpson 指数用来表示群落的多样性;Pielou 指数用于表征群落的均匀度;覆盖率指数体现物种测序深度,其数值越接近 1,样本中序列被测出的概率越高。表 2 为真菌群落多样性指数。由表 2 可知,覆盖率指数均大于 0.9,说明样本中的序列基本被测出,能够表征样本中微生物的真实情况。JY 样本的 Chao1 指数和 Shannon 指数最高,表明其丰富度和多样性最高;MM 样本的 Pielou 指数最高,表明其菌落均匀度最好。图 2 为不同地级市样本真菌的韦恩图,用于分析不同组之间共有、特有的 ASVs。图 2 中,每个圈代表 1 组样本,圈和圈重叠部分的数字代表样本组之间共有的 ASVs 个数。由图 2 可知,6 个地级市的棉袜样本共有 4 个 ASVs,JY、ZJ、GZ、MM、DG、FS 特有的 ASVs 分别为 169,31,52,22,23,39 个,分别占序列总数的 90.37%,50.81%,71.23%,45.83%,54.76%,56.52%。

表 2 真菌群落多样性指数						
Tab.2 Fungal community diversity indexes						
样本	Chao1	ASVs	Pielou	Shannon	Simpson	覆盖率
JY	345.433	187	0.665	5.019	0.929	0.942
ZJ	62.500	61	0.667	3.953	0.867	0.998
GZ	80.333	73	0.693	4.290	0.887	0.993
MM	53.000	48	0.734	4.098	0.904	0.997
DG	51.000	42	0.718	3.872	0.910	0.995
FS	88.429	69	0.710	4.337	0.900	0.990

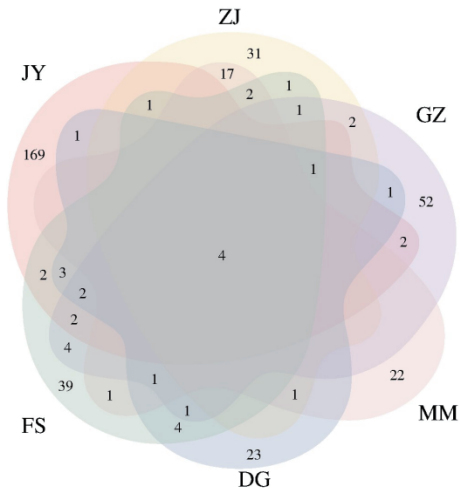


图 2 不同地级市样本真菌的韦恩图

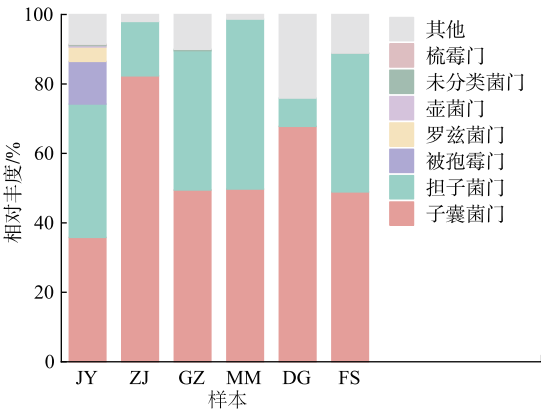
Fig. 2 Venn map of sample fungi in different prefecture-level cities

2.1.2 棉袜微生物群落在门和属水平上的组成分析 所有测序样本 ITS 序列经过滤优化后共获得 313 066 条高质量序列,序列平均长度为 235 碱基对。经对比分析 ASVs,棉袜中的微生物群落共鉴定出 6 门、26 纲、52 目、93 科、132 属、153 种。

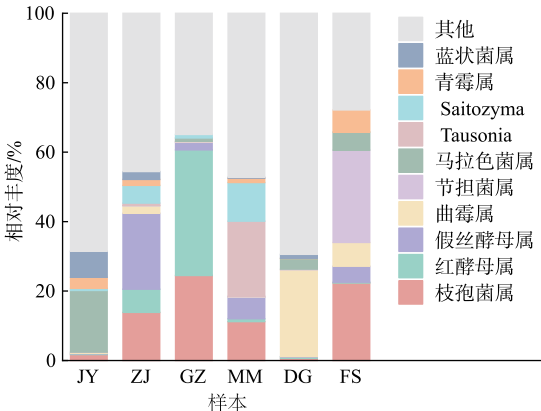
图 3 为棉袜样本中真菌群落组成情况。由图 3 (a)可以看出,广东居民日常穿着后的棉袜表面优势真菌主要集中在 6 个门,按照物种丰度依次为子囊菌门、担子菌门、被孢霉门、罗兹菌门、壶菌门、梳霉门。其中,子囊菌门和担子菌门占绝对优势,平均相对丰度分别为 55.66% 和 31.85%,其余真菌群落丰度均小于 5%。在单独的每组样本中,子囊菌门和担子菌门同样处于绝对优势。

在真菌群落属水平上,统计了平均相对丰度前 10 的物种属,结果如图 3(b)所示。按照丰度对真菌群落属进行排序,由高到低依次为枝孢菌属(平均相对丰度为 12.36%)、红酵母属(平均相对丰度为 7.42%)、假丝酵母属(平均相对丰度为 5.84%)、曲霉属(平均相对丰度为 5.74%)、节担菌属(平均相对丰度为 4.56%)、马拉色菌属(平均相对丰度为 4.49%)、Tausonia(平均相对丰度为 3.71%)、Saitozyma(平均相对丰度为 2.98%)、青霉属(平均相对丰度为 2.10%)、篮状菌属(平均相对丰度为 1.84%)。其中,枝孢菌属、红酵母属、假丝酵母属、曲霉属以及节担菌属在 6 组样本中均存在,表明在穿过的棉袜中,这些菌属的存在具有普遍性。但在不同样本中各菌属的相对丰度有一定差异,枝孢属在 JY 样本和 DG 样本中的相对丰度分别为 1.71% 和 0.65%,其远低于其他组;红酵母属在 GZ 样本中的相对丰度比较高,为 36.17%,而在其他 5

组样本中则相对均衡;假丝酵母属在 ZJ 样本中的相对丰度最高,为 21.89%,明显高于其他地级市样本;曲霉属在 DG 样本中的相对丰度为 25.01%,与其他地区样本相比略高;节担菌属在 FS 样本中尤为突出,相对丰度为 26.61%。出现菌群属水平比例差异的原因可能是志愿者身体生理特征不同、足部微环境健康状况的差异以及所处生活环境的温湿度不同等^[18]。



(a) 真菌群落门水平相对丰度



(b) 真菌群落属水平相对丰度

图 3 棉袜样本中真菌群落组成

Fig. 3 Fungal community composition in cotton sock samples

属分类研究结果表明,枝孢菌属是穿过的棉袜中丰度最高的优势菌属。已有研究证实,枝孢属是环境中最丰富的菌属之一,对多种植物具有严重危害,也会导致农产品、纺织品腐烂^[19];少数枝孢菌会引起人体疾病,导致皮肤真菌感染、过敏等^[20]。除枝孢属外,假丝酵母属和曲霉属在棉袜中的丰度也相对较高。假丝酵母属中最常见的便是白念珠菌,其细胞表面的黏附素、侵入素和生物膜的形成以及水解酶的分泌等都会成为致病因素,在人体免疫力较低时,易引起各种黏膜损伤甚至全身感染^[21]。曲霉属是引起多种物质霉腐的主要微生物之一,具有较强的产酸能力和纤维素活性^[22],会对

棉纤维造成一定的侵蚀,从而缩短棉袜穿着寿命。因此,研究绿色、有效且具有针对性的抑菌方式对维持人体健康以及提高纺织品使用寿命具有重要意义。

2.1.3 棉袜中真菌群落 FUNGuild 功能预测分析
通过 FUNGuild 功能了解和预测棉袜中真菌群落的功能。根据数据库注释结果,统计 FUNGuild 方面功能丰度,结果如图 4 所示。研究表明,棉袜中真菌功能类群主要分布于未指定类(占比 37.83%)、未定义腐生真菌(占比 27.96%)、内生-植物病原菌(占比 12.45%)、动物内共生真菌-未定义腐生真菌(占比 7.42%)、动物病原菌-未定义腐生真菌(占比 4.50%)、真菌寄生菌-未定义腐生真菌(占比 3.91%)、植物病原菌(占比 1.25%)、动物病原菌-内生真菌-木材腐生菌(占比 0.73%)、未定义腐生真菌-木材腐生菌(占比 0.52%)。腐生真菌能够分解和利用棉袜表面残留的人体皮脂成分以及棉纤维中所含纤维素,并转化为其他无机盐和有机物质,使棉袜表面真菌不断繁殖^[23]。因此,棉袜穿着过程中出现的异味、足部瘙痒等问题极有可能与腐生真菌有关,在棉袜真菌防控过程中需要加强对腐生真菌的关注。

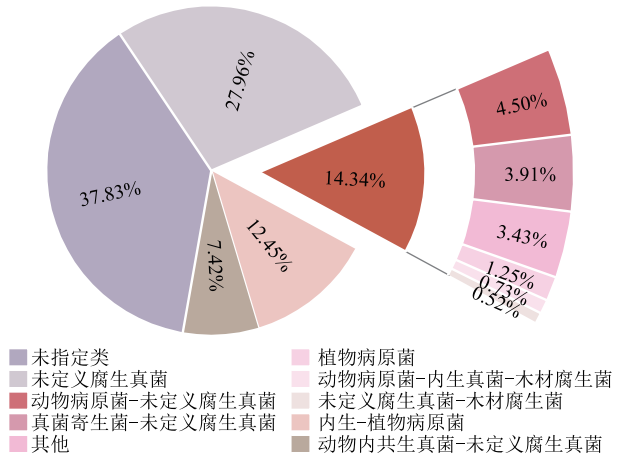


图 4 真菌群落 FUNGuild 功能预测统计

Fig. 4 Statistics of FUNGuild predicted functions for fungal community

2.2 棉袜中真菌的分离纯化

2.2.1 形态学分析 按照不同地级市,将广东居民棉袜样本分别在孟加拉红培养基中进行划线分离与纯化,共分离出 16 株真菌。根据菌落的生长状况、颜色、表面高度以及形态大小等特点,初步判定为 5 种真菌,依次编号为 A,B,C,D,E。A 菌株生长初期为白色,生长过程中菌落中心变为灰绿色,并逐渐变大,边缘微微泛白,菌体上附有白绒毛菌丝;B 菌株在培养基内生长速度很快,初期菌落以白色厚

绒毛放射状生长,之后表面产生黑色孢子;C 菌株起初为白色绒毛状,菌落中间微有凸起,随着菌落的生长逐渐变为黄褐色粉末状,边缘颜色逐渐过渡为浅黄色;D 菌落中间呈现出浅绿色,往外圈变为墨绿色,边缘为白色,菌落表面有灰白色绒丝;E 菌株为橄榄绿色,表面平展,有辐射状沟纹,中央有绒状皱起,边缘颜色逐渐淡化为浅绿色,菌落反面为黑褐色。5 种真菌生长 7 d 后的菌落形态如图 5 所示。对菌落进行形态学分析,依据《真菌鉴定手册》将其初步鉴定为 3 个属:A,B,D 菌株为曲霉属,C 菌株为帚枝霉属,E 菌株为枝孢属。

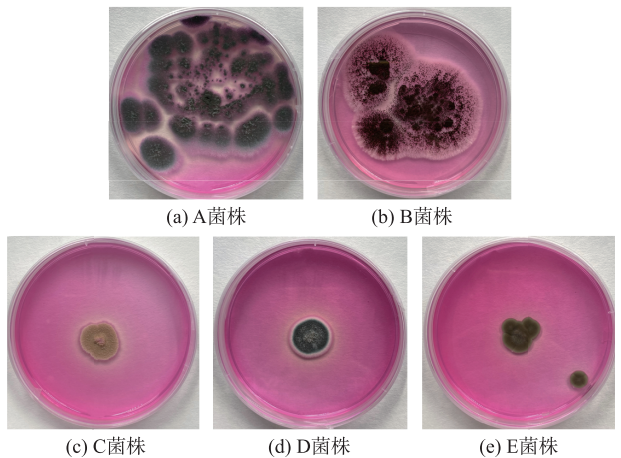
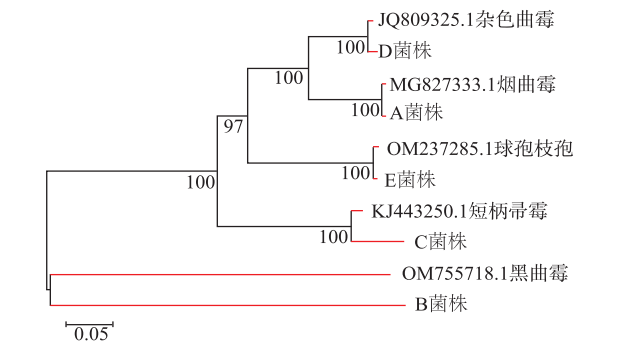


图 5 分离菌株菌落形态

Fig. 5 Colony morphology of isolated strains

2.2.2 真菌核糖体 DNA 的 ITS 序列分析鉴定 根据测序结果,将获得的 ITS 基因测序结果输入 NCBI 数据库进行 BLAST 同源对比,选取同源性较大的菌株序列,利用 MEGA 软件进行序列对比,确定菌种名称,最终构建菌株系统进化树,结果如图 6 所示。



注:红线代表未知菌株 A ~ E 与 NCBI 数据库中已知菌株间的分支长度。

图 6 基于真菌核糖体 DNA 基因序列构建的系统进化树

Fig. 6 Phylogenetic tree based on 18S rDNA gene sequence

图 6 中,进化树的数值为自展值,是一种放回式

抽样统计,它与分支长度两者综合便反映了相互之间的同源性,数值越大、分支越短说明亲缘关系越近,反之则亲缘关系越远。经过鉴定,认为 A~E 菌株分别为烟曲霉、黑曲霉、短柄帚霉、杂色曲霉和球孢枝孢,具体结果见表 3。由表 3 可知,曲霉属所占比例最高,其次是枝孢属。陶娅妃等^[24]研究表明,

黑曲霉和杂色曲霉会腐蚀棉纤维造成孔洞,缩短棉袜穿着寿命。另外,有研究表明,曲霉属(特别是烟曲霉)会对人类健康造成严重威胁,引起侵袭性感染^[25]。因此,对于穿过的棉袜,不要随意丢放,应及时清洗,避免与其他衣物混合,以减少不必要的人体健康伤害。

表 3 分离菌株的生物学鉴定结果

Tab.3 Biological identification results of isolated strains

菌株编号	鉴定结果	属	同源性/%	分离菌株数/个	占比/%
A	烟曲霉	曲霉属	99.64	2	12.50
B	黑曲霉	曲霉属	100.00	3	18.75
C	短柄帚霉	帚枝霉属	99.32	2	12.50
D	杂色曲霉	曲霉属	99.21	3	18.75
E	球孢枝孢	枝孢属	99.80	6	37.50

3 结 语

文中通过高通量测序技术对棉袜中的微生物群落结构进行分析,采用实验室培养方法对穿过棉袜上的真菌进行分离,并利用形态观察法和 ITS 测序分析对分离得到的真菌进行鉴定。研究结果显示,所有样本中共检测出 132 个属,其中枝孢菌属、红酵母属、假丝酵母属和曲霉菌属在棉袜菌群中的相对丰度大于 5%,为优势菌属。FUNGuild 功能预测结果表明,棉袜中的真菌群落主要具有腐生功能。通过分离纯化培养得到 5 种真菌,分别为烟曲霉、黑曲霉、短柄帚霉、杂色曲霉和球孢枝孢,其中曲霉属和枝孢属真菌株数较多,所占比例分别为 50% 和 37.5%,处于相对优势地位;其他绝大多数真菌未能通过实验室培养得到,说明实验室分离纯化的局限性。实验室培养能够直观观察菌落的形态,同时为后续微生物的理化性质分析提供菌种,但无法涉及棉袜中微生物多样性和菌群丰度的分析。综上可知,穿过的棉袜中微生物群落丰富,其中平均相对丰度较高的曲霉属、假丝酵母属以及马拉色菌属对人体健康存在着一定威胁,分离纯化得到的烟曲霉、短柄帚霉也均为机会致病菌,在机体免疫力低时极易引起感染。因此,消费者需要对棉袜进行科学洗护,维持足袜微环境的健康,保证穿着舒适性。

在后续研究中,将扩大样本量,研究不同年龄、不同职业人群穿过棉袜的微生物多样性,为靶向抗菌、抑菌提供实验支持。

参考文献:

[1] BADR A A. Anti-microbial and durability characteristics of socks made of cotton and regenerated cellulosic fibers

[J]. Alexandria Engineering Journal, 2018, 57 (4): 3367-3373.

[2] 陶娅妃,张娜,周椿浩,等. 纺织品霉变微生物的分离纯化与鉴定[J]. 丝绸, 2022, 59(3): 40-44.

TAO Yafei, ZHANG Yuan, ZHOU Chunhao, et al. Isolation, purification and identification of moldy microorganisms on textiles[J]. Journal of Silk, 2022, 59(3): 40-44. (in Chinese)

[3] ARA K, HAMA M, AKIBA S, et al. Foot odor due to microbial metabolism and its control [J]. Canadian Journal of Microbiology, 2006, 52(4): 357-364.

[4] VAN HERREWEGHEN F, AMBERG C, MARQUES R, et al. Biological and chemical processes that lead to textile malodour development [J]. Microorganisms, 2020, 8 (11): 1709.

[5] SASAGAWA Y. Internal environment of footwear is a risk factor for tinea pedis[J]. The Journal of Dermatology, 2019, 46(11): 940-946.

[6] 韦冠京,梁伶,曹存巍,等. 10 042 例浅部真菌病及其病原菌分析[J]. 中国真菌学杂志, 2017, 12(1): 23-28.

WEI Guanjing, LIANG Ling, CAO Cunwei, et al. Analysis of superficial mycosis and pathogens in 10 042 cases[J]. Chinese Journal of Mycology, 2017, 12(1): 23-28. (in Chinese)

[7] 王雪妃,田玉洁. 慢性阻塞性肺疾病合并呼吸系统曲霉菌感染研究进展[J]. 中华医院感染学杂志, 2022, 32(24): 3822-3826.

WANG Xuefei, TIAN Yujie. Progress of chronic obstructive pulmonary disease complicated with respiratory system Aspergillus infection[J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2022, 32(24): 3822-3826. (in Chinese)

[8] 万爱兰,王晓晓,洪赵. 棉经编五明治衬衫面料的开发与单向导湿性能[J]. 服装学报, 2024, 9(3): 215-222.

WAN Ailan, WANG Xiaoxiao, HONG Zhao. Development

and unidirectional moisture conductivity of warp-knitted five-layer sandwich cotton shirt fabrics [J]. *Journal of Clothing Research*, 2024, 9(3): 215-222. (in Chinese)

[9] ASHAR A, AHMAD BHUTTA Z, SHOAIB M, et al. Cotton fabric loaded with ZnO nanoflowers as a photocatalytic reactor with promising antibacterial activity against pathogenic *E. coli* [J]. *Arabian Journal of Chemistry*, 2023, 16(9): 105084.

[10] 叶远丽,李飞,冯志忠,等. 纺织品抗菌整理研究进展 [J]. *服装学报*, 2018, 3(1): 1-8.
YE Yuanli, LI Fei, FENG Zhizhong, et al. Research progress in antibacterial finishing of textiles [J]. *Journal of Clothing Research*, 2018, 3(1): 1-8. (in Chinese)

[11] 贾曼,杨絮,周国燕,等. 高通量测序分析黄酒糟制香糟自然发酵过程中微生物群落多样性 [J]. *食品科学*, 2023, 44(14): 190-196.
JIA Man, YANG Xu, ZHOU Guoyan, et al. High-throughput sequencing analysis of microbial community diversity in xiangzao of made from huangjiu (yellow rice wine) vinasse during spontaneous fermentation [J]. *Food Science*, 2023, 44(14): 190-196. (in Chinese)

[12] AREGBE A Y, MU T H, SUN H N. Effect of different pretreatment on the microbial diversity of fermented potato revealed by high-throughput sequencing [J]. *Food Chemistry*, 2019, 290: 125-134.

[13] ZHU N, WANG J Q, WANG Y G, et al. Differences in geological conditions have reshaped the structure and diversity of microbial communities in oily soils [J]. *Environmental Pollution*, 2022, 306: 119404.

[14] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会. 食品安全国家标准 食品微生物学检验 霉菌和酵母计数: GB 4789.15—2016 [S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.

[15] 魏景超. 真菌鉴定手册 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1979: 781.

[16] 祁智慧, 庄媛, 张海洋, 等. 粮食上木霉菌的分离鉴定及其生防效果 [J]. *微生物学通报*, 2023, 50(7): 2860-2875.
QI Zhihui, ZHUANG Yuan, ZHANG Haiyang, et al. Isolation, identification, and biocontrol efficacy determination of *Trichoderma* spp. on grains [J]. *Microbiology China*, 2023, 50(7): 2860-2875. (in Chinese)

[17] CHENG Y Q, YANG B, MIAO R Y, et al. Isolation, identification, and evaluation of an ectomycorrhizal fungus from a hazel orchard in China [J]. *Scientia Horticulturae*, 2023, 309: 111679.

[18] STERNENDORFF E B, RUSSEL J, JAKOBSEN J, et al. The T-shirt microbiome is distinct between individuals and shaped by washing and fabric type [J]. *Environmental Research*, 2020, 185: 109449.

[19] BENSCH K, GROENEWALD J Z, MEIJER M, et al. *Cladosporium* species in indoor environments [J]. *Studies in Mycology*, 2018, 89: 177-301.

[20] 廖焕兰, 柏彩英, 陈富, 等. 6 株枝孢霉的鉴定与分析 [J]. *海南医学*, 2017, 28(6): 920-923.
LIAO Huanlan, BAI Caiying, CHEN Fu, et al. Identification and analysis of six strains of *Cladosporium* [J]. *Hainan Medical Journal*, 2017, 28(6): 920-923. (in Chinese)

[21] MACIAS-PAZ I U, PÉREZ-HERNÁNDEZ S, TAVERA-TAPIA A, et al. *Candida albicans* the main opportunistic pathogenic fungus in humans [J]. *Revista Argentina De Microbiologia*, 2023, 55(2): 189-198.

[22] YANG L, LÜBECK M, LÜBECK P S. *Aspergillus* as a versatile cell factory for organic acid production [J]. *Fungal Biology Reviews*, 2017, 31(1): 33-49.

[23] ZHOU H, XIANG L, CHEN Q, et al. Isolation, identification, and carbon metabolism analysis of typical saprophytic fungi in tobacco seedling growing substrate [J]. *Acta Tabacaria Sinica*, 2019, 25(1): 122-128.

[24] 陶娅妃, 任泽华, 王梦娣, 等. 霉菌对棉织物的生物腐蚀特性 [J]. *现代纺织技术*, 2023, 31(4): 164-172.
TAO Yafei, REN Zehua, WANG Mengdi, et al. Biological corrosion characteristics of molds on cotton fabrics [J]. *Advanced Textile Technology*, 2023, 31(4): 164-172. (in Chinese)

[25] ARASTEHFAR A, CARVALHO A, HOUBRAKEN J, et al. *Aspergillus fumigatus* and aspergillosis: from basics to clinics [J]. *Studies in Mycology*, 2021, 100: 100115.

(责任编辑: 沈天琦)