

黄土区沟道泥沙微生物群落变化特征及其影响因素

侯芳彬¹,王蕊¹,Salman Ali²,高鑫¹,郭胜利^{1,3*} (1.西北农林科技大学水土保持研究所,黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室,陕西 杨凌 712100; 2.西北农林科技大学资源与环境学院,陕西 杨凌 712100; 3.中国科学院、水利部水土保持研究所,陕西 杨凌 712100)

摘要: 在黄土高原沟壑区,通过 16S rRNA 基因片段和 ITS 高通量测序,研究沟道泥沙中细菌和真菌群落在上-中-下游的变化特征.结果表明:与沟头相比,把口站的细菌群落中拟杆菌门(Bacteroidetes)与厚壁菌门(Firmicutes)的相对丰度分别增加 6.6%和 10.5%,而变形菌门(Proteobacteria)的相对丰度降低 15.1%;真菌群落中担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度增加 7.7%,而子囊菌门(Ascomycota)降低 30.2%;泥沙中黏粒含量与细菌丰富度(Chao1 指数)和多样性(Shannon 指数)之间显著负相关($P < 0.05$),与真菌的丰富度和多样性无显著相关性;细菌和真菌群落多样性和丰富度的空间差异与 SOC、Olsen-P 的变化有关($P < 0.05$).因此,泥沙中颗粒组成物和养分含量可能是影响沟道微生物群落变化的主要因素.

关键词: 沟道泥沙; 空间重分布; 细菌; 真菌; 颗粒组成

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2019)10-4350-10

DOI:10.19674/j.cnki.issn1000-6923.2019.0508

Variations of soil microbial communities along a valley bottom of the loess plateau and the influencing factors. HOU Fang-bin¹, WANG Rui¹, Salman Ali², GAO Xin¹, GUO Sheng-li^{1,3*} (1.State Key Laboratory of soil Erosion and Dryland Farming on the Loess Plateau, Institute of Soil and Water Conservation, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 2.College of Resource and Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 3.Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resource, Yangling 712100, China). *China Environmental Science*, 2019,39(10): 4350~4359

Abstract: Sediments were collected from up- to down-stream along a valley bottom on the Loess Plateau. Physicochemical properties of the collected sediments were measured and the characteristics of bacterial and fungal communities in the sediment samples were also determined using the high-throughput sequencing of 16S rRNA gene fragment and ITS. From up- to down-stream of the studied valley, the relative abundance of Bacteroidetes and Firmicutes in the collected sediments increased by 6.6% and 10.5% respectively, and the relative abundance of Proteobacteria decreased by 15.1%. The relative abundance of Basidiomycota increased by 7.7%, while the relative abundance of Ascomycota decreased by 30.2%. The bacterial richness (Chao1 index) and diversity (Shannon index) were negatively correlated with sediment clay content ($P < 0.05$), while the correlations between clay content and fungal were not significant. The richness and diversity of bacterial and fungal communities were also correlated with sediment SOC and Olsen-P ($P < 0.05$). Therefore, sediment compositions and nutrient content appeared to be a crucial factor influencing the spatial variability of sediment microbial communities and diversity.

Key words: sediments; spatial re-distribution; bacteria; fungi; sediment compositions

陆地表面每年有高达 75Gt 的土壤发生迁移和重新分布,其中 70%在陆地表面或相邻流域低洼处沉积^[1-3].土壤的重新分布极大地影响了陆地生态系统的净初级生产力^[4-6]以及空间异质性^[3,7-10].土壤中栖息的微生物是陆地表面中最丰富与活跃的一类生物^[11-13],是生物地球化学循环的重要驱动力^[14].地表物质的侧向移动使得地貌^[15-16]、土壤结构^[10]、土壤养分^[17-20]、微生物特性^[21]等发生变化.

黄土高原沟壑区总面积 3.56 万 km²,水土流失面积为 3.06 万 km²,地形支离破碎,沟壑纵横,大体分为塬面、坡地和沟道,坡面和沟道合称为沟壑,例如高原沟壑区齐家川示范区内沟壑的面积可以占到

56%以上^[22].沟道不仅是坡面泥沙进入河流和湖泊的主要通道,也是泥沙沉积的主要区域.黄土高原沟道系统的产沙量高达整个黄土高原总侵蚀量的 80%,坡面泥沙经过运移进入沟道系统^[23-24],使得沟道中泥沙含沙量大于 1000kg/m³^[25].沟道不仅是坡面泥沙进入河流和湖泊的主要通道,也是泥沙沉积的主要区域.黄土高原沟道系统的产沙量高达整个黄土高原总侵蚀量的 80%,坡面泥沙经过运移进入沟道系统^[23-24],使得沟道中泥沙含沙量大于 1000kg/

收稿日期: 2019-03-07

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(41371279)

* 责任作者, 研究员, slguo@ms.iswc.ac.cn

$m^{3[26]}$.泥沙迁移过程中轻(低密度)和细(黏粒和粉粒)的颗粒优先发生运移^[25,27-28],更容易迁移到更远的地方^[3,29-30].同时,泥沙颗粒的迁移、分布对土壤有机碳矿化和积累具有显著影响^[5-6,31-32].

微生物是影响陆地表面生物地球化学循环的重要因素,已有研究表明微生物群落在坡位间存在显著差异^[21,33],这主要是与坡位间底物供应和水分条件有关^[21].Mohammadi 等发现下坡位较高的土壤微生物量和活性与其较高的土壤水分和碳氮底物供应有关^[34].坡面侵蚀-沉积区的土壤微生物量以及酶活性对土壤有机碳含量、湿度等因素的敏感程度不同^[35-36].因此,侵蚀地形对水分和底物产生的变化会对坡面土壤微生物群落产生显著影响,但是,目前对沟道重分布过程中微生物群落分布的研究不清楚.因此,本文探讨的沟道泥沙微生物群落变化及其影响因素将有助于理解沟道泥沙的迁移分布对陆地生态系统物质循环的影响.

本研究选择黄土高原沟壑区典型治理小流域,基于该流域主沟道,从王东村到把口站等间距采集泥沙样品,利用高通量测序等技术获取不同位置泥沙中微生物群落的信息,分析泥沙中细菌和真菌群落的变化特征;在此基础上探讨了沟道中微生物群落变化的影响因素.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

位于陕甘交界处的长武县王东沟小流域(东经 $107^{\circ}40'30''\sim 107^{\circ}42'30''$,北纬 $35^{\circ}12'\sim 35^{\circ}16'$) (图 1).该流域为“陕西长武农田生态系统国家野外科学观测研究站”的所在地,是我国重点水土流失治理小流域.土地面积 8.3km^2 ,塬、坡、沟约各占土地面积的 $1/3(27.7\% \text{ vs. } 36.4\% \text{ vs. } 35.9\%)^{[37]}$,沟壑密度为 $2.78\text{km}/\text{km}^2$,属典型的黄土高原沟壑类型区.塬面海拔 1220m ,从塬面到沟底的最大高差为 280m .属于大陆季风气候,年均气温 9.1°C , $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 积温 3029°C ,多年平均雨量 584mm ,但季节性分布不均,降雨的 60% 以上都集中在 $6\sim 9$ 月,多以短期暴雨形式出现.该流域的主要土壤类型为黄壤土和黑垆土,母质为深厚的中壤质马兰黄土,土层深厚,土质疏松,质地均一,可蚀性高,为本实验的开展提供了条件.

1.2 沟道泥沙样品的采集

2018年5月中旬,沿王东沟流域主沟道(全长 6.3km)等间距采样,间距 2.1km 左右(图 1);选定的点依次为王东村(上游)、范家梁(中游)、杜家坪(中游)和把口站(下游).在沟道中随机采样,重复3次,共12个样品,考虑到沟道中的泥沙层较浅,每个采样点取 $0\sim 10\text{cm}$ 的泥沙样本.

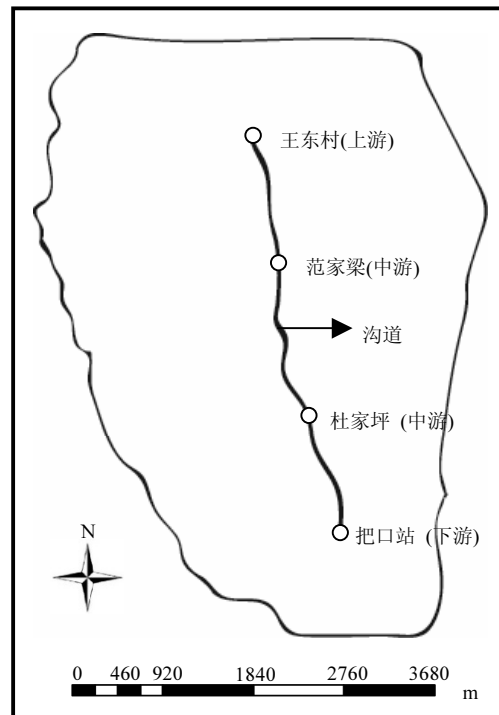


图 1 王东沟流域采样位置示意

Fig.1 Sampling scheme in the study area of the Wangdong catchment

各样品混合均匀后分成两份:一份在室外置于 4°C 的保温箱内,之后立即转移至试验室 -20°C 的冷藏箱保存,以用于高通量测序;另一份样品风干,用于测试土壤颗粒、养分等理化指标.

1.3 DNA 提取和高通量测序

采用 Fast DNA SPIN Kit for soil 试剂盒和 MP FastPrep-24 核酸提取仪提取土壤中的 DNA.通过 1% 琼脂糖凝胶电泳和分光光度法($260\text{nm}/280\text{nm}$ 处的光密度比)检查提取的 DNA 质量.将所有提取的 DNA 样品储存在 -20°C 下用于进一步分析.根据测序区域的选择,使用带 Barcode 的特异引物进行 PCR 扩增: 338F ($5'\text{-ACTCCTACGGGAGGCAG-CAG-3}'$)和 806R ($5'\text{-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3}'$)^[38]扩增细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 区域,同时

使用 ITS1 (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')引物通过 PCR 扩增真菌 ITS 基因区域^[39]。

从 2% 琼脂糖凝胶中提取扩增子,并使用 AxyPrep DNA 凝胶提取试剂盒(Axygen Biosciences, Union City, CA, USA).根据制造商的说明纯化,然后使用 GeneJET (Thermo Scientific 公司)定量.将纯化的扩增子以等摩尔量合并,然后根据标准方案在 Illumina MiSeq 平台上进行配对末端测序(2×300)。

首先使用 QIIME 包 (Quantitative Insights Into Microbial Ecology, v1.2.1)进行高质量序列的提取.之后使用以下标准对原始 FASTQ 文件进行解复用和质量过滤:(i)在 10bp 滑动窗口上获得平均质量分数<20 的任何位点截短 300bp,并丢弃短于 50bp 的读数;(ii)精确条形码匹配,引物匹配中的两个核苷酸错配,并除去含有模糊特征的读数;(iii)仅根据它们的重叠序列组装长于 10bp 的重叠序列.无法组装的读数被丢弃.使用 UCLUST 将唯一序列集分类为具有 97% 相似性阈值的操作分类单位(OTU).使用 Usearch (版本 8.0.1623)鉴定并除去嵌合序列.使用 UCLUST 对 Silva119 16S rRNA 数据库分析每个 16S rRNA 和 ITS 基因序列的分类,使用 90% 的置信度阈值.将细菌和真菌的原始读数共同存入 NCBI 序列读取存档(SRA)数据库。

1.4 理化性质分析

风干土样磨细,一部分过 2mm 筛(10 目),分析土壤颗粒组成(MS-2000 马尔文激光粒度仪)和 pH 值(在土壤与溶液(1mol/L KCl)之比为 1 : 2.5 (W/V)的上清悬浮液中测量).一部分过 0.25mm 筛(65 目),测定样品中的有机碳含量($H_2SO_4-K_2Cr_2O_7$ 外加热法^[40])和速效磷(Olsen 法^[41-42])。

1.5 数据分析方法

采用 SAS (8.0, SAS Inst. 1998) 软件 GLM 程序包对沟道不同处理间的理化性质和微生物群落的 Alpha、Beta 多样性指数进行方差分析(ANOVA),当 F 检验显著时,再对四个位置处理间均值进行比较(Duncan)检验($P < 0.05$).通过 Sigmaplot (12.5)软件绘制四个处理排名前十的微生物群落在门、纲、目、科、属水平的相对丰度图.采用 R 语言(3.5.1)对微生物数据进行整理,通过 ape 包和 ggplot2 包绘制主坐标分析图 (Principal Co-ordinates Analysis; PCoA),

了解不同处理间门水平(phylum)上细菌和真菌群落的差异;通过 vegan 包绘制 UPGMA 聚类树 (Unweighted Pair-group Method with Arithmetic Mean);通过 vegan 包和 packfor 包绘制冗余分析图 (Redundancy Analysis; RDA)。

2 结果与分析

2.1 沟道泥沙理化性状的变化特征

沟道泥沙颗粒的理化性状存在显著的空间差异(表 1).沟道上游 (王东村) 泥沙的粉粒含量为 68.4%,分别较中游(59.0%)、下游(53.3%)高出 16%、28%.泥沙中黏粒含量变化最为明显,下游较上游增加 54%(下游 vs.上游:42.3% vs. 27.4%);砂粒含量无差异.土壤有机碳(SOC)含量从 7.4g/kg (上游)增加到 9.1g/kg (下游),增加幅度近 23%.速效磷(Olsen-P)的变化趋势与 SOC 相似,与上游(17.3mg/kg)相比,中游(22.8mg/kg)和下游(27.2mg/kg)分别增加 24.1%和 36.4%。

表 1 沟道泥沙颗粒理化性状含量

Table 1 Selected physicochemical properties of sediments from the four sampling points along the valley bottom

指标	王东村(上游)	范家梁(中游)	杜家坪(中游)	把口站(下游)
砂粒(%)	4.3±0.3a	5.6±2.3a	3.0±1.4a	3.5±0.8a
粉粒(%)	68.3±0.5a	59.3±3.0b	57.9±1.3b	50.5±1.1c
黏粒 (%)	27.5±0.3a	35.1±1.0b	39.1±2.4c	46.0±1.6d
SOC(g/kg)	7.4±1.33ab	6.4±0.52b	8.4±0.92ab	9.1±2.13a
Olsen-P(mg/kg)	17.3±1.69a	19.6±1.48a	25.9±0.43b	27.2±1.37b
pH 值	8.1±0.17b	8.1±0.13ab	8.0±0.22a	7.8±0.18a

注:同行不同字母表示空间位置变化差异性显著($P < 0.05$).

2.2 不同空间位置细菌和真菌群落的组成差异

沟道泥沙样本中细菌和真菌群落分别获得 34186 和 38902 个高质量序列.从上游到下游,泥沙细菌群落的 OTU 数显著降低了 23.2%,而真菌群落则呈现先降低后增加的趋势,且无显著性差异.沟道不同空间位置泥沙细菌的 Chao1 指数与 Shannon 指数具有显著差异($P < 0.05$)(表 2),均表现为:上游(王东村)>中游(范家梁、杜家坪)>下游(把口站),表明从上游到下游,细菌群落的丰富度与多样性分别降低 13.5% 和 10.4%.而真菌群落的 Chao1 指数与 Shannon 指数从王东村到把口站增加 9.0%和 5.4%,但均未达到显著水平。

表 2 沟道泥沙微生物群落丰富度、多样性和 OTU 数(细菌和真菌有效序列分别为 34186 和 38902 条)

Table 2 Richness, diversity and OTU number of the microbial communities of the sediments collected from the four sampling points along the valley bottom (34186 and 38902 good quality sequences were obtained from bacterial and fungal communities)

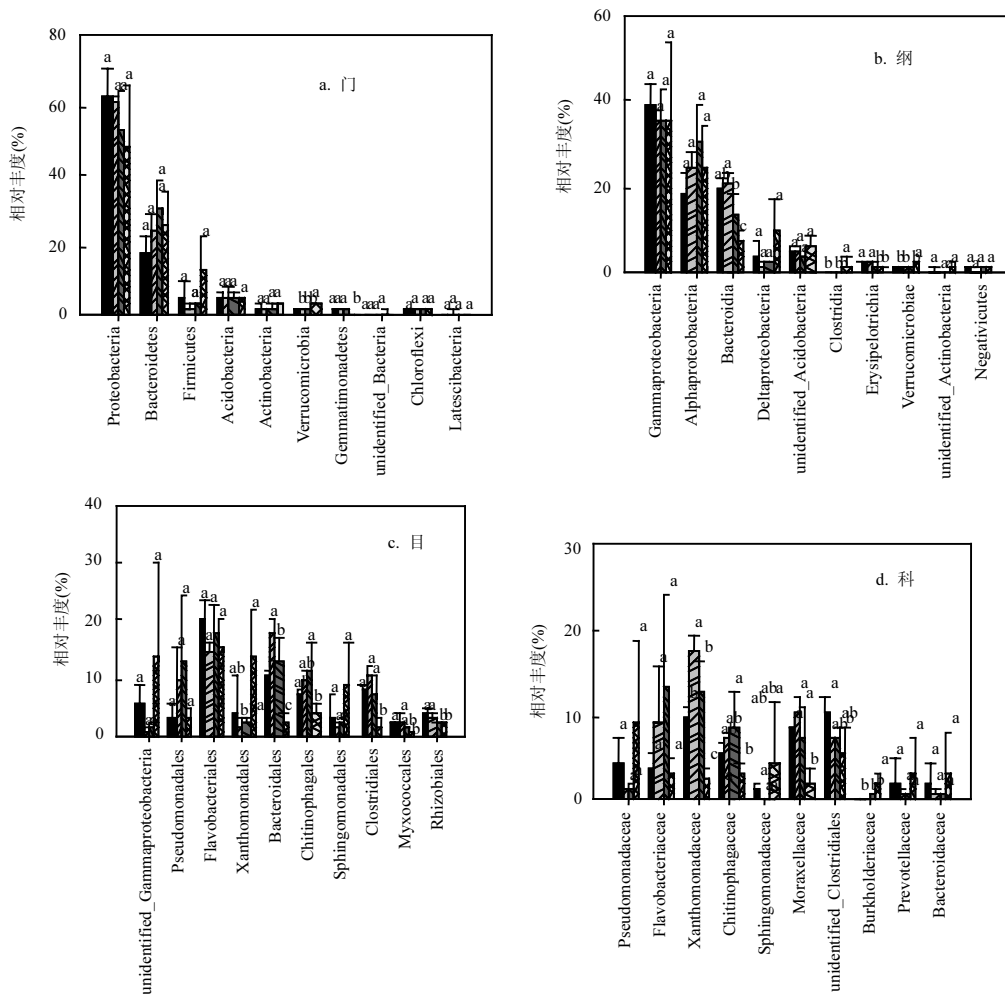
指标	王东村(上游)	范家梁(中游)	杜家坪(中游)	把口站(下游)
细菌 Chao1	2580.1±112.7a	2411.7±205.2ab	2409.1±135.7ab	2232.0±252.2b
细菌 Shannon	8.92±0.29a	8.42±0.40ab	8.47±0.30ab	7.99±0.82b
细菌 OTU 数	3082±126a	2740±213ab	2687±155ab	2366±392b
真菌 Chao1	1092.7±455.3a	1042.7±76.0a	1173.8±48.6a	1200.9±25.5a
真菌 Shannon	7.16±0.21a	7.70±0.40a	7.28±0.23a	6.77±1.51a
真菌 OTU 数	1691±666a	1492±74a	1572±164a	1693±12a

注:同行不同字母表示空间位置变化差异性显著($P<0.05$).

2.3 沟道泥沙细菌和真菌群落的变化特征

沟道内不同位置泥沙细菌和真菌群落在门、纲、目、科、属水平上的相对丰度存在一定差异(图 2、3).在细菌群落的门水平上,变形菌(Proteobacteria)、拟杆菌(Bacteroidetes)和厚壁菌(Firmicutes)在沟道不同处理中均为优势菌门,其中变形菌门的相对丰度降低了 15.1%,但未达到显著水平;拟杆菌门和厚壁菌门较上游相比,相对丰度分别增加了 6.6%和 10.5%,但均未达到显著水平(图 2a).纲水平上, γ -变

形菌纲 (Gammaproteobacteria)在沟道不同位置的相对丰度占比最高且始终保持在 35%以上.下游与上游相比,拟杆菌纲(Bacteroidia)增加幅度为 6% (18.6% vs. 24.2%); α -变形菌纲 (Alphaproteobacteria)的相对丰度降低近 3 倍(19.1% vs. 6.9%);梭状芽孢杆菌纲 (Clostridia) 的相对丰度增加近 3 倍 (3.3% vs. 9.4%) (图 2b).科水平上,把口站处黄单胞菌科 (Xanthomonadaceae)和甲壳虫菌科(Chitinophagaceae)的相对丰度均较上-中游显著降低($P<0.05$) (图 2d).



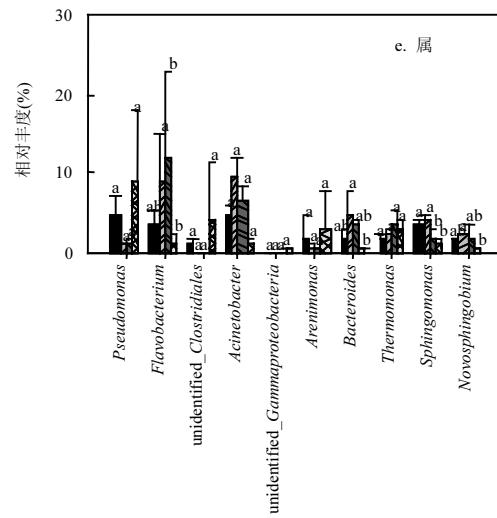
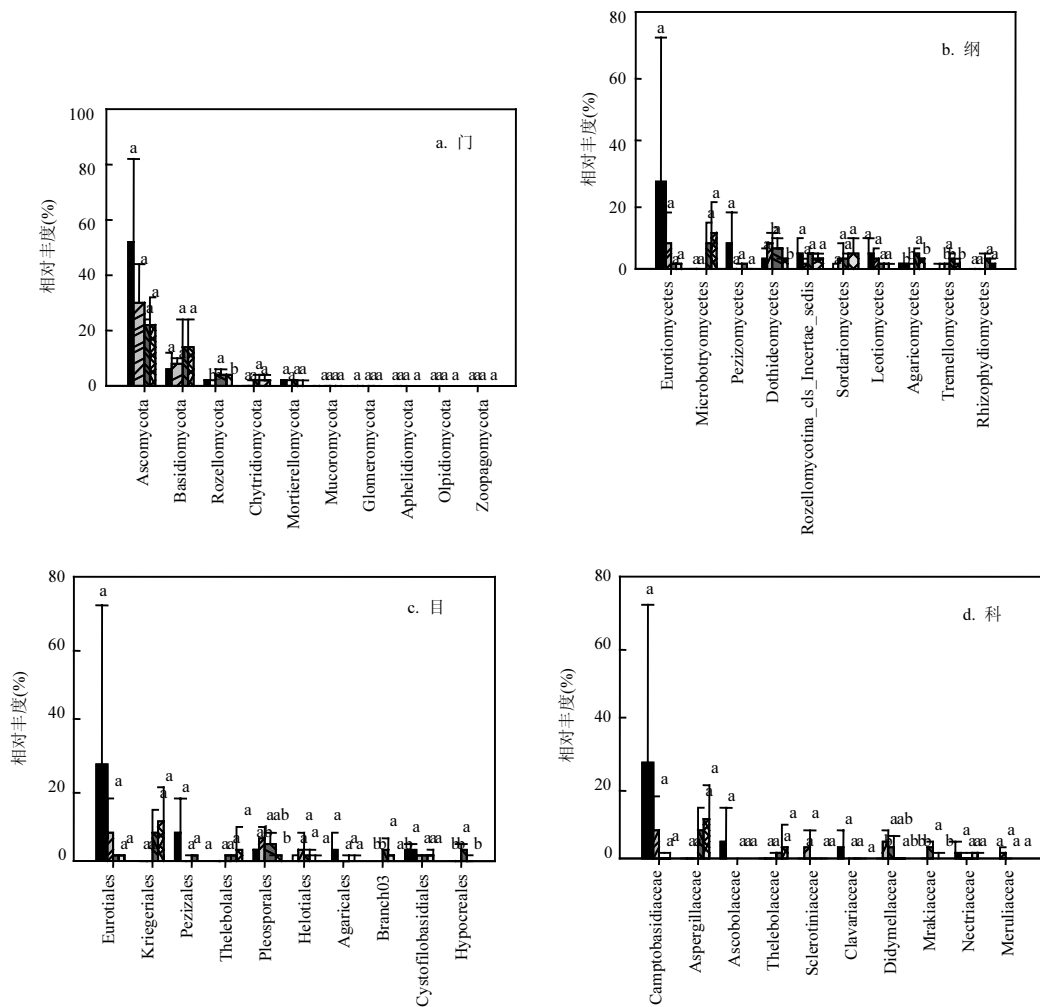


图2 沟道不同处理在门,纲,目,科,属水平上细菌群落的相对丰度($P < 0.05$)

Fig.2 Relative abundances of soil bacterial communities of sediments collected from the four sampling points along the valley bottom ($P < 0.05$)

■ 王东村 ▨ 范家梁 ▩ 杜家坪 ▤ 把口站



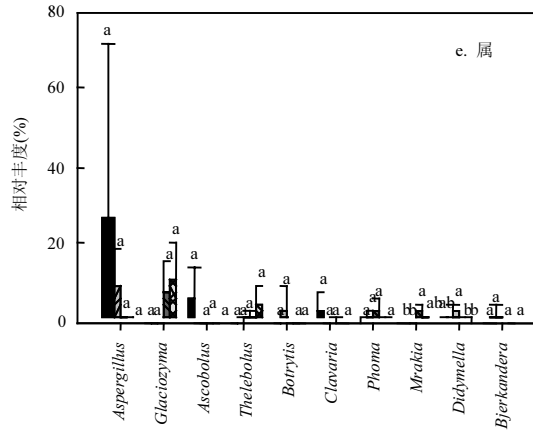


图 3 沟道不同处理在门,纲,目,科,属水平上真菌群落的相对丰度 ($P < 0.05$)

Fig.3 Relative abundances of soil fungal communities of sediments collected from the four sampling points along the valley bottom ($P < 0.05$)

■ 王东村 ▨ 范家梁 ▩ 杜家坪 ▤ 把口站

真菌群落中,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和罗茨菌门(Rozellomycota)为优势菌门且均存在较大的变异性。子囊菌门在下游的相对丰度仅为上游相对丰度的 41%(21.3% vs. 51.5%)。与之相反,下游担子菌门的相对丰度为上游的 2.18 倍(14.2% vs. 6.5%),罗茨菌门为上游的 1.62 倍(3.1% vs. 1.2%)。壶菌门(Chytridiomycota)和鞭毛菌门(Mortierellomycota)在沟道不同位置中有所差异,但平均相对丰度较小,分别为 1.5%和 1.1%(图 3a)。另外,除纲水平上座囊菌(Dothideomycetes)的相对丰度较上-中游显著降低外($P < 0.05$) (图 3b),真菌群落在其它水平上均无显著差异。

2.4 细菌和真菌群落的 Beta 多样性分析及 RDA 分析

采用 PCoA 分析对沟道上-中-下游的泥沙样本进行分析,结果表明沟道微生物群落在分析结果中具有一定的空间差异(图 4a、4b)。细菌群落排序轴第 1 轴的贡献率为 41.3%,排序轴第 2 轴的贡献率为 15.6%,前 2 轴累计解释了变量的 57.0%。其中,第一主成分轴上王东村、范家梁与杜家坪三点聚类明显,但与把口站差距明显。真菌群落排序轴第 1 轴的贡献率为 21.1%,排序轴第 2 轴的贡献率为 17.2%,前 2 轴累计解释了变量的 38.3%。王东村、范家梁、杜家坪和把口站在第一与第二成分轴上均有差距。

构建 UPGMA 聚类树对沟道样品进行聚类分析,研究四个处理间的相似性。细菌群落的 UPGMA 聚类树表明:除杜家坪 2 外,把口站与其他 3 个处理的

细菌群落区系明显属于两个不同的组(图 4a);但是,真菌群落的 UPGMA 聚类树显示 4 个处理间的真菌群落区系区分不明显(图 4b)。

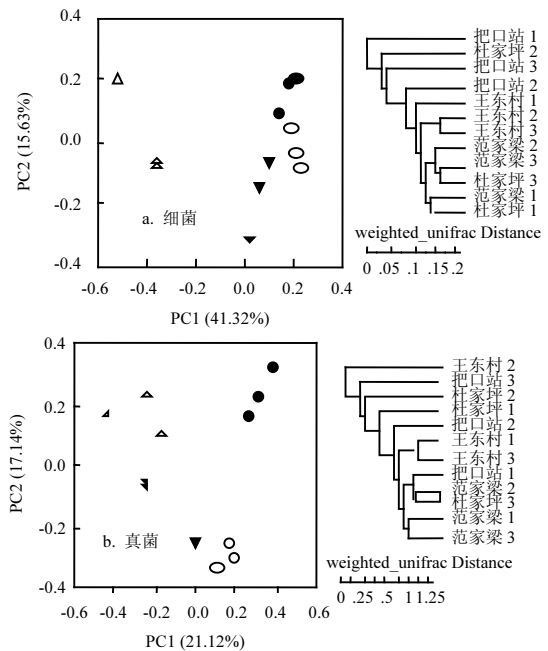


图 4 沟道泥沙细菌和真菌群落在四个处理中的 PCoA 及 UPGMA 聚类树分析

Fig.4 PCoA analysis and UPGMA analysis of bacterial fungal communities in the sediments collected from the four sampling points along the valley bottom

● 王东村 ○ 范家梁 ▼ 杜家坪 ▲ 把口站

采用 RDA 分析对各环境因子(黏粒、粉粒、SOM 和 Olsen-P)与不同处理的泥沙微生物群落组成进行相关性分析(图 5a、5b)。结果显示细菌和真菌群落的

分布与粒级含量、SOM 和 Olsen-P 有较强的相关性。此外,在微生物群落,尤其是细菌群落的 RDA 分析中能够区分出把口站和上-中游两个明显的地理群。

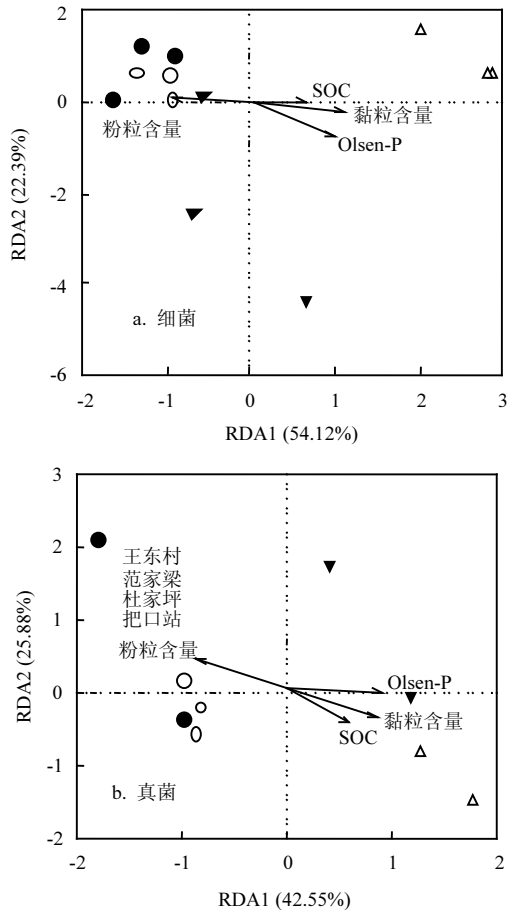


图5 沟道泥沙细菌和真菌群落不同处理中的 RDA 分析
Fig.5 RDA analysis of bacterial and fungal communities in the sediments collected from the four sampling points along the valley bottom

● 王东村 ○ 范家梁 ▼ 杜家坪 ▲ 把口站

3 讨论

3.1 沟道泥沙颗粒分布的空间变化对微生物群落的影响

泥沙或土壤是微生物的栖息地,随着泥沙或土壤的运动,微生物群落会产生相应变化^[43]。从王东村(上游)到把口站(下游),沟道泥沙中黏粒比例增加,粉粒含量降低(表 1);细菌和真菌群落的丰富度和多样性也存在差异(表 2)。通过粒级含量与 Alpha 多样性指数的回归分析发现:黏粒含量与细菌 Chao1、Shannon 指数显著负相关($P<0.05$);粉粒含量与细菌 Chao1、Shannon 指数显著正相关($P<0.05$)。这些结果

表明沟道细菌群落的空间分布差异可能与颗粒分布的空间变化有关。沟道内泥沙颗粒在迁移的过程中不断分选,黏粒含量不断提高,非毛管孔隙比例增加,使得细菌在该孔隙中活动困难^[44],因而把口站处细菌群落的丰富度和多样性降低。除此之外, Yang 等^[45]在研究天然草地时发现与 0.25~1mm 和 <0.25mm 的颗粒相比, 2~4mm 和 1~2mm 颗粒的细菌多样性更大; Sessitsch 等^[46]发现细砂、淤泥和黏土中相关细菌种群的组成、结构主要受粒径影响,细菌多样性呈现随粒径减小而增加的趋势。

与细菌不同,黏粒含量与真菌 Chao1、Shannon 指数显著正相关($P<0.05$);粉粒含量与真菌 Chao1、Shannon 指数显著负相关($P<0.05$)。与细菌群落相关结果相比,泥沙粒级与真菌群落丰富度、多样性变化的相关性较弱,这是由于真菌菌丝的生长形式使它们比细菌具有更强的转移营养物和克服不良生长条件的能力^[47-49]。

3.2 沟道泥沙中微生物群落与养分含量的相关性

微生物群落的动态变化与侵蚀导致的土壤养分含量的改变密切相关^[9,50-55]。泥沙颗粒向下游分选的过程中黏粒含量比例增加, SOC、Olsen-P 含量也有所提高。由 RDA 分析, SOC 和 Olsen-P 沿沟道上-中-下游的含量变化是影响细菌与真菌群落组成和活性的因素(图 5a、5b)。SOC、Olsen-P 与细菌丰富度、多样性显著相关($P<0.05$),表明 SOC 和 Olsen-P 能够影响细菌群落的组成。根据微生物营养对策分类,富营养菌可利用活性较高的碳源快速生长,寡营养菌对贫瘠养分条件抗性能力更强^[56]。本研究中变形菌门^[57]和拟杆菌门^[56]均属于富营养菌,因此这两种菌在养分含量丰富的把口站相对丰度较高。

真菌群落同样与土壤养分含量密切相关。SOC、Olsen-P 与真菌丰富度、多样性正相关($P<0.05$)。这可能与真菌具有良好的分解能力有关:子囊菌门和担子菌门能够分解大多数有机物质和植物残骸^[58-59],因而沟道真菌群落的丰富度和多样性与养分含量有关。另外, PCoA 分析中(图 4b),随养分含量的增加,不同处理间真菌群落差距明显也可以印证这一点。另外, Trivedi 等^[50]研究发现侵蚀区 SOC 的流失能够抑制土壤微生物群落(特别是真菌)的快速生长; Thormann^[51]发现门水平上不同真菌群落在泥炭地碳循环中发挥重要作用。因此,研究认为细菌和真

菌群落在沟道泥沙中的动态变化与养分含量变化有关。

3.3 沟道的厌氧环境对微生物群落的影响

厌氧环境能够影响细菌群落的丰富度和多样性^[55]。由 PCoA 分析和 UPGMA 聚类树,把口站与王东村、范家梁、杜家坪 3 个处理差距明显(图 4a),表明把口站由于长期积水产生的厌氧环境影响了细菌群落。由图 2b, α -变形菌纲(好氧菌)^[60]在把口站的相对丰度较其他 3 个处理降低了近 2/3(6.9% vs. 18.0%),拟杆菌纲(厌氧菌)^[61]则增加 6%(24.2% vs. 18.6%)。由此,厌氧环境使把口站与上-中游细菌群落差异明显。

此外,结合王东沟流域塬面与坡面的已有研究成果,沟道 Chao1 指数(2408.2)和 Shannon 指数(8.45)显著低于塬面(4732.0, 10.09)和坡面(4589.4, 9.84) ($P < 0.05$)^[21,33],表明细菌群落的 Alpha 多样性指数在塬-坡-沟的地形变化中呈降低趋势。塬面和坡面的优势菌门中除变形菌(兼性厌氧菌)外,酸杆菌和放线菌均为好氧菌^[60,62];沟道的优势菌门中,变形菌(兼性厌氧菌),拟杆菌(厌氧菌)和厚壁菌(厌氧菌)等厌氧菌富集(图 2a)^[61]。从黄土高原沟壑区地貌组成角度来看,塬面和坡面是来水来沙区^[63-65],沟道是水流和泥沙的汇集区^[24],因而沟道中水分条件良好,形成的厌氧环境有利于厌氧菌的生存,进而影响了沟道细菌群落的分布。

沟道的厌氧环境尽管对细菌影响显著,但对真菌群落的影响不显著。对真菌群落而言,坡面土壤中的优势菌门为接合菌门(Zygomycota)、担子菌门和子囊菌门^[21];沟道中为子囊菌门、担子菌门和罗茨菌门(图 3a)。有学者在接合菌门,子囊菌门和担子菌门中发现了 17 种需氧真菌种^[66]。但是,也有研究发现子囊菌门中有些菌纲,如粪壳菌能够适应厌氧环境(图 3b)^[67-69];罗茨菌门也可以同时生存于土壤、淡水以及海洋沉积物等环境(图 3a)^[70-71]。同时,UPGMA 聚类树(图 4b)聚类不明显可以证明这一点。

4 结论

4.1 门水平上,与上游相比,把口站的细菌群落中拟杆菌门与厚壁菌门的相对丰度分别增加 6.6%、10.5%,变形菌门降低 15.1%;真菌群落中担子菌门的相对丰度增加 7.7%,而子囊菌门降低 30.2%。

4.2 细菌群落的丰富度、多样性降低,而真菌群落

增加,这可能与颗粒的空间分布有关。

4.3 沟道的理化环境影响微生物群落的分布。除此以外,沟道内厌氧环境在一定程度上影响了细菌群落的分布。

参考文献:

- [1] Robert F Stallard. Terrestrial sedimentation and the carbon cycle: Coupling weathering and erosion to carbon burial [J]. *Global Biogeochemical Cycles*, 1998,12(2):231-257.
- [2] Chaplot V, Jean Poesen. Sediment, soil organic carbon and runoff delivery at various spatial scales [J]. *Catena*, 2012,88(1):46-56.
- [3] Asemeret Asefaw Berhe, Rebecca T Barnes, Johan Six, et al. Role of soil erosion in biogeochemical cycling of essential elements: carbon, nitrogen, and phosphorus [J]. *Annual Review of Earth and Planetary Sciences*, 2018,46(1):521-548.
- [4] Harden J W, Sharpe J M, Parto W J, et al. Dynamic replacement and loss of soil carbon on eroding cropland [J]. *Global Biogeochemical Cycles*, 1999,13(4):885-901.
- [5] Lal R. Soil erosion and carbon dynamics [J]. *Soil & Tillage Research*, 2005,81:137-142.
- [6] Berhe A A, Harte J, Harden J W, et al. The significance of the erosion-induced terrestrial carbon sink [J]. *Bioscience*, 2007,57(4):337-346.
- [7] Gregorich E G, Greerb K J, Anderson D W, et al. Carbon distribution and losses — erosion and deposition effects [J]. *Soil & Tillage Research*, 1998,47:291-302.
- [8] Nannipieri P, Ascher J, Ceccherini M T, et al. Microbial diversity and soil functions [J]. *European Journal of Soil Science*, 2003,54:655-670.
- [9] Stavi I, Lal R. Variability of soil physical quality in uneroded, eroded, and depositional cropland sites [J]. *Geomorphology*, 2011,125: 85-91.
- [10] Zhang J H, Wang Y, Jia L Z, et al. An interaction between vertical and lateral movements of soil constituents by tillage in a steep-slope landscape [J]. *Catena*, 2017,152:292-298.
- [11] Whitman W B, Coleman D C, William J Wiebe. Prokaryotes: The unseen majority [J]. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 1998,5: 6578-6583.
- [12] Torsvik V, Øvreås L, Frede T Thingstad. Prokaryotic diversity—magnitude, dynamics, and controlling factors [J]. *Science*, 2002, 296(5570):1064-1066.
- [13] Craig J Venter, Remington Karin, Heidelberg John F, et al. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea [J]. *Science*, 2004,304(5667):66-74.
- [14] Paul G Falkowski, Tom Fenchel and Edward F Delong. The microbial engines that drive Earth's biogeochemical cycles [J]. *Science*, 2008,320(5879):1034-1039.
- [15] Liu Huanyao, Zhou Jiaogen, Feng Qingyu, et al. Effects of land use and topography on spatial variety of soil organic carbon density in a hilly, subtropical catchment of China [J]. *Soil Research*, 2017,55(2): 134.
- [16] Dialynas Y G, Bastola S, Bras R L, et al. Topographic variability and the influence of soil erosion on the carbon cycle [J]. *Global Biogeochemical Cycles*, 2016,30(5):644-660
- [17] Berhe A A, Barnes R T, Six J, et al. Erosional redistribution of topsoil

- controls soil nitroge dynamics [J]. *Biogeochemistry*, 2017,132:37-54.
- [18] Hu Yaxian, Berhe Asmeret Asefaw, Fogel Marilyn L, et al. Transport-distance specific SOC distribution: Does it skew erosion induced C fluxes [J]. *Biogeochemistry*, 2016,128(3):339-351.
- [19] Zhang Haicheng, Liu Shuguang, Yuan Wenping, et al. Inclusion of soil carbon lateral movement alters terrestrial carbon budget in China [J]. *Science Reports*, 2014,4(7247):1-6.
- [20] Kirkels F M S A, Cammeraat L H, Kuhn N J. The fate of soil organic carbon upon erosion, transport and deposition in agricultural landscapes — A review of different concepts [J]. *Geomorphology*, 2014,226:94-105.
- [21] Sun Qiqi, Hu Yaxian, Wang Rui, et al. Spatial distribution of microbial community composition along a steep slope plot of the Loess Plateau [J]. *Applied Soil Ecology*, 2018,130:226-236.
- [22] 毕华兴,刘立斌,刘斌.黄土高塬沟壑区水土流失综合治理范式 [J]. *中国水土保持科学*, 2010,8(4):27-33.
- Bi Huaxing, Liu Libin, Liu Bin. Paradigm of integrated management on soil and water losses in LoessPlateau-gullyRegion [J]. *Science of Soil and Water Conservation*, 2010,8(4):27-33.
- [23] 费祥俊,邵学军.泥沙源区沟道输沙能力的计算方法 [J]. *泥沙研究*, 2004,1:1-8.
- Fei Xiangjun, Shao Xuejun. Sediment transport capacity of gullies in small watersheds [J]. *Journal of Sediment Research*, 2018,130:226-236.
- [24] 王光谦,李铁键,薛海,等.流域泥沙过程机理分析 [J]. *应用基础与工程科学学报*, 2006,14(4):455-462.
- Wang Guangqian, Li Tiejian, Xue Hai, et al. Mechanism analysis of watershed sediment processes [J]. *Journal of Basic Science and Engineering*, 2006,14(4):455-462.
- [25] 钱婧,张丽萍,王文艳.红壤坡面土壤团聚体特性与侵蚀泥沙的相关性 [J]. *生态学报*, 2018,38(5):1590-1599.
- Qian Jing, Zhang Liping, Wang Wenyan. The relationship between soil aggregates and eroded sediments from sloping vegetated red soils of South China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018,38(5):1590-1599.
- [26] 王兴奎,钱宁,胡维德.黄土丘陵沟壑区高含沙水流的形成及汇流过程 [J]. *水利学报*, 1982,7(4):26-35.
- Wang Xingkui, Qian Ning, Hu Dewei. The formation and process of confluence of the flow with hyperconcentration in the Gullied- Hilly Loess Areas of the Yellow River Basin [J]. *Shuili Xuebao*, 1982,7(4): 26-35.
- [27] Bajracharya R M, Lal R, Kimble J M. Erosion effects on carbon dioxide concentration and carbon flux from an ohio alfisol [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2000,64(2):694-700.
- [28] Walling D E. The sediment delivery problem [J]. *Journal of Hydrology*, 1983,65:209-237.
- [29] Beusen A H W, Dekkers A L M, Bouwman A F, et al. Estimation of global river transport of sediments and associated particulate C, N, and P [J]. *Global Biogeochemical Cycles*, 2005,7(5):345-361.
- [30] G C Starr, R Lal, R Malone, et al. Modeling soil carbon transported by water erosion processes [J]. *Land Degrad. Dev.*, 2000,11:83-91.
- [31] Lal R, Pimentel D. Soil erosion: a carbon sink or source [J]. *Science*, 2008,319:1040-1042.
- [32] Jacinthe P A, Lal R. A mass balance approach to assess carbon dioxide evolution during erosional events [J]. *Land Degradation & Development*, 2001,12(4):329-339.
- [33] Wang Rui, Sun Qiqi, Wang Ying, et al. Contrasting responses of soil respiration and temperature sensitivity to land use types: Cropland vs. apple orchard on the Chinese Loess Plateau [J]. *Science of the Total Environment*, 2018,621:425-433.
- [34] Mohammadi M F, Jalali S G, Kooch Y, et al. The effect of landform on soil microbial activity and biomass in a hyrcanian oriental beech stand [J]. *Catena*, 2017,149:309-317.
- [35] 杨佳佳,安韶山,张宏,等.黄土丘陵区小流域侵蚀环境对土壤微生物量及酶活性的影响 [J]. *生态学报*, 2015,35(17):5666-5674.
- Yang Jiajia, An Shaoshan, Zhang Hong, et al. Effect of erosion on soil microbial biomass and enzyme activity in the Loess Hills [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015,35(17):5666-5674.
- [36] 覃乾,朱世硕,夏彬,等.黄土丘陵区侵蚀坡面土壤微生物量碳时空动态及影响因素 [J]. *环境科学*, 2019,40(4):1973-1980.
- Qin Qian, Zhu Shishuo, Xia Bin, et al. Temporal and spatial dynamics of soil microbial biomass carbon and its influencing factors on an eroded slope in the Hilly Loess Plateau Region [J]. *Environmental Science*, 2019,40(4):1973-1980.
- [37] Li Y, Su S. Comprehensive Study of Efficient and ecological economic system in Wangdonggou of Changwu County [M]. Xinjiang: Science and Technology Document Press, 1991.
- [38] Li Y, Zhang Qian, Zhang Fangfei, et al. Analysis of the microbiota of black stain in the primary dentition [J]. *Plos One*, 2015,10(9).
- [39] Ruibo Sun, Melissa Dsouza, Jack A Gilbert, et al. Fungal community composition in soils subjected to long-term chemical fertilization is most influenced by the type of organic matter [J]. *Environ Microbiol*, 2016,18(12):5137-5150.
- [40] Nelson D W, Sommers L E. Total carbon, organic carbon, and organic matter: laboratory method. *Methods of Soil Analysis, Part 3* [M]. Madison:Soil Science Society of America, 1996:961-1010.
- [41] Olsen S R, Cole V, Watenable F S, et al. Estimation of available phosphorus in soils by extraction with sodium bicarbonate. *USDA Cir. no. 939analysis, part 2* [J]. *Am Soc Agron*, 1954,9:914-926.
- [42] Murphy J, Riley J P. A modified single solution method for the determination of phosphate in natural waters [J]. *Anal. Chim. Acta*, 1962,27:31-36.
- [43] R K Väisänen, Roberts M S, Garl, J L. Physiological and molecular characterisation of microbial communities associated with different water-stable aggregate size classes [J]. *Soil biology & biochemistry*, 2005,37(11):2007-2016.
- [44] 耿增超,戴伟.土壤学 [M]. 北京:科学出版社, 2011:79-85.
- Geng Zengchao, Dai Wei. *Soil Science* [M]. Beijing: Science Press, 2011:79-85.
- [45] Yang Chao, Liu Nan, Zhang Yingjun. Soil aggregates regulate the impact of soil bacterial and fungal communities on soil respiration [J]. *Geoderma*, 2019,337:444-452.
- [46] Meagan E Schipanski, Elena M Bennett. The influence of agricultural trade and livestock production on the global phosphorus cycle [J]. *Ecosystems*, 2011,15(2):256-268.
- [47] Jennings D H. Translocation of Solutes in fungi [J]. *Bio. Rev.*, 1987, 62:215-243.

- [48] Markus N T. Diversity and function of fungi in peatlands a carbon cycling perspective [J]. *Soil. Sci.*, 2006,86:281-293.
- [49] Yuste J C, En˘unlas J P, Estiarte M, et al. Drought-resistant fungi control soil organic matter decomposition and its response to temperature [J]. *Global Change Biology*, 2011,17(3):1475-1486.
- [50] Xiao Haibing, Li Zhongwu, Chang Xiaofeng, et al. The mineralization and sequestration of organic carbon in relation to agricultural soil erosion [J]. *Geoderma*, 2018,329:73-81.
- [51] Huang Wei, Chen Xing, Jiang Xia, et al. Characterization of sediment bacterial communities in plain lakes with different trophic statuses [J]. *Microbiologyopen*, 2017,6(5).
- [52] Lu Sidan, Sun Yujiao, Zhao Xuan, et al. Sequencing Insights into Microbial Communities in the Water and Sediments of Fenghe River, China [J]. *Archives of Environmental Contamination & Toxicology*, 2016,71(1):122-132.
- [53] Diab W, Toufailya J, Villieras F, et al. Study of physicochemical properties of colloidal sediments of Litani River in Lebanon [J]. *Physics Procedia*, 2014,55:251-258.
- [54] Terrence G, Acosta-Martinez V, Francisco J C. Pyrosequencing reveals bacteria carried in different wind-eroded sediments [J]. *Journal of environmental quality*, 2012,41(3):744-753.
- [55] Jiang Hongchen, Dong Hailiang, Zhang Gengxin, et al. Microbial diversity in water and sediment of Lake Chaka, an athalassohaline lake in northwestern China [J]. *Applied and environmental microbiology*, 2006,72(6):3832-3845.
- [56] Noah Fierer Mark A Bradford, Robert B J. Toward an ecological classification of soil bacteria [J]. *Ecology*, 2007,88(6):1354-1364.
- [57] Brajesh K S, Richard D B, Pete Smith, et al. Microorganisms and climate change: terrestrial feedbacks and mitigation options [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2010,8(11):779-790.
- [58] Francois Lutizoni F, Frank Kauff, Cymon J Cox, et al. Assembling the fungal tree of life: Progress, classification and evolution of subcellular traits [J]. *American Journal of Botany*, 2004,91(10):1446-1480.
- [59] Baldrian P, Kolarik M, Stursova M, et al. Active and total microbial communities in forest soil are largely different and highly stratified during decomposition [J]. *The ISME Journal*, 2012,6,248-258.
- [60] Wells C L, Wilkins T D. Clostridia: Sporeforming Anaerobic Bacilli. In: Baron S, editor. *Medical Microbiology*. 4th edition. Galveston (TX) [M]. Galveston: University of Texas Medical Branch, 1996: Chapter 18.
- [61] Flynn T M, Koval J C, Greenwald S M, et al. Parallelized, aerobic, single carbon-source enrichments from different natural environments contain divergent microbial communities [J]. *Front Microbiol*, 2017, 8:1-14.
- [62] Eichorst S A, Breznak J A, Schmidt T M. Isolation and characterization of soil bacteria that define *Terriglobus* gen. nov., in the phylum Acidobacteria [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2007,73(8): 2708-2717.
- [63] 徐雪良. 韭园沟流域沟间地、沟谷地来水来沙量的研究 [J]. *中国水土保持*, 1987(8):23-26.
- Xu Xueliang. Study on the amount of water coming from the ditch and valley in the Gengyuangou Basin [J]. *Soil and Water Conservation In China*, 1987(8):23-26.
- [64] 陈浩. 降雨特征和上坡来水对产沙的综合影响 [J]. *水土保持学报*, 1992,6(2):17-23.
- Chen Hao. The synthetic effect of rainfall characteristics and runoff from upper slope on sediment generation [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 1992,6(2):17-23.
- [65] 陈浩, 王开章. 黄河中游小流域坡沟侵蚀关系研究 [J]. *地理研究*, 1999,18(4):363-372.
- Chen Hao, Wang Kaizhang. A study on the slope-gully erosion relationship on small basins in the loess areas at the middle reaches of the Yellow River [J]. *Geographical Research*, 1999,18(4):363-372.
- [66] Young D, Dollhofer V, Callaghan T M, et al. Isolation, identification and characterization of lignocellulolytic aerobic and anaerobic fungi in one- and two-phase biogas plants [J]. *Bioresour Technol*, 2018,268: 470-479.
- [67] Spatafora J W. Ascomal evolution of filamentous ascomycetes: evidence from molecular [J]. *Canadian Journal of Botany*, 1995, 73(S1):811-815.
- [68] Neugeglise C, Brygoo Y, Vercambre B, et al. Comparative-analysis of molecular and biological characteristics of strains of *Beauveria brongniartii* isolated from insects [J]. *Mycological Research*, 1994, 98(3):322-328.
- [69] Berbee M L, Taylor J W. Two ascomycete classes based on fruiting-body characters and ribosomal DNA sequence [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1992,38(5):1590-1599.
- [70] Turner M. The evolutionary tree of fungi grows a new branch [N]. *Nature News*, 2014-05-31.
- [71] Ghosh P. Missing link fungi found in Devon pond [N]. *BBC News*, 2014-10-31.

致谢: 本实验的野外采样工作由李伟佳、贺瑶等同学提供帮助,在此表示感谢。

作者简介: 侯芳彬(1995-),女,河南新乡人,西北农林科技大学硕士研究生,主要研究方向为土壤生态。