

DOI:10.13869/j.cnki.rswc.2023.05.023.

陈新, 徐国策, 李清顺, 等. 大理河消落带土壤微生物群落功能多样性[J]. 水土保持研究, 2023, 30(5): 193-200.

CHEN Xin, XU Guoce, LI Qingshun, et al. Functional Diversity of Soil Microbial Communities in the Water-Level-Fluctuating Zone of Dali River [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2023, 30(5): 193-200.

大理河消落带土壤微生物群落功能多样性

陈新¹, 徐国策¹, 李清顺², 闵志强², 方康¹, 魏全¹, 王斌¹, 谷丰佑¹

(1.西安理工大学, 省部共建西北旱区生态水利国家重点实验室, 西安 710048;

2.国家林业和草原局西北调查规划设计院, 旱区生态水文与灾害防治国家林业和草原局重点实验室, 西安 710048)

摘要: [目的] 研究大理河消落带土壤微生物群落功能多样性, 可以从微生物的角度为河流生态保护提供新的理论依据和数据支持。 [方法] 以大理河消落带 0—5 cm 土壤为对象, 采用 Biolog-ECO 微平板法研究了消落带土壤微生物平均颜色变化率(AWCD)、土壤微生物对不同碳源的利用特征以及土壤微生物群落多样性指数。 [结果] 大理河消落带 AWCD 均值为中游>上游>下游, 中游土壤微生物群落利用碳源的能力更强。羧酸类、胺类、酚酸类和聚合物类 4 种碳源是上游土壤微生物利用的主要碳源, 胺类和聚合物类是中游和下游土壤微生物利用的主要碳源, 总体来看, 胺类和聚合物类为大理河消落带土壤微生物利用的主要碳源。土壤微生物 Shannon 多样性指数和 Simpson 优势度指数最大的是下游。土壤粉粒、黏粒、全氮和 pH 值对微生物群落的多样性有显著影响($p < 0.05$)。 [结论] 大理河消落带土壤微生物群落功能多样性在上、中、下游存在差异, 且微生物群落多样性受土壤理化性质的影响。黄河消落带的保护不仅要着眼于土壤理化性质的变化, 更要发现微生物生态功能的差异。

关键词: 大理河; 消落带; 土壤微生物; Biolog-Eco; 功能多样性

中图分类号: S154.3

文献标识码: A

文章编号: 1005-3409(2023)05-0193-08

Functional Diversity of Soil Microbial Communities in the Water-Level-Fluctuating Zone of Dali River

CHEN Xin¹, XU Guoce¹, LI Qingshun², MIN Zhiqiang², FANG Kang¹,
WEI Quan¹, WANG Bin¹, GU Fengyou¹

(1.State Key Laboratory of Eco-Hydraulic in Northwest Arid Region, Xi'an

University of Technology, Xi'an 710048, China; 2.Key Laboratory of National Forestry and Grassland

Administration on Ecological Hydrology and Disaster Prevention in Arid Regions, Northwest Survey

Planning and Design Institute of National Forestry and Grassland Administration, Xi'an 710048, China)

Abstract: [Objective] Studying the functional diversity of soil microbial communities in the water-level-fluctuating zone of Dali River can provide a new theoretical basis and data support for river ecological protection from the perspective of microorganisms. [Methods] The 0—5 cm soil in the water-level fluctuating zone of the Dali River was taken as the object, the Biolog-ECO micro-plate method was used to study the average well color development (AWCD) of soil microorganisms in the water-level fluctuating zone, the utilization characteristics of different carbon sources by soil microorganisms, and the soil microbial community diversity index. [Results] The mean AWCD value of the water-level-fluctuating zone of Dali River decreases in the order: midstream>upstream>downstream. Carboxylic acids, amines, phenolic acids and polymerase are the main carbon sources used by soil microorganisms in the upstream. Amines and polymers are the main carbon

收稿日期: 2022-07-18

修回日期: 2022-08-11

资助项目: 国家自然科学基金优秀青年项目(No.52022081); 榆林市科技计划项目(No.2019-144)

第一作者: 陈新(1998—), 女, 四川达州人, 硕士研究生, 主要从事水沙过程演变与流域管理的研究。E-mail: 2275233636@qq.com

通信作者: 徐国策(1985—), 男, 河南洛阳人, 教授, 主要从事流域水沙与污染防治等方面的研究。E-mail: xuguoce_x@163.com

<http://stbcyj.paperonce.org>

sources used by soil microorganisms in the midstream and downstream. Generally speaking, amines and polymers are the main carbon sources used by soil microorganisms in the water-fluctuating-zone of Dali River. The capacity of soil microbial communities to use a single carbon source decreases in the order: upstream>midstream>downstream. Soil particles, total nitrogen, pH, and organic carbon have significant effect on the carbon source utilization capacity of microbial communities ($p<0.05$). [Conclusion] The functional diversity of soil microbial communities in the water-level-fluctuating zone of Dali River is different in the upper, middle, and lower reaches, and the diversity of microbial communities is affected by soil physical and chemical properties. The protection of the water-fluctuating-zone of the Yellow River should not only focus on changes in soil physical and chemical properties, but also find differences in microbial ecological functions.

Keywords: Dali River; water-level-fluctuating zone; soil microorganism; Biolog-Eco; functional diversity

河湖水系是水资源和水生态的重要载体,是流域内经济发展布局及生态安全格局的主骨架。我国有5万多条河流的流域面积大于100 km²,其中大部分河流受到了不同程度的污染,包括黄河在内的7大水系均有不同程度的污染^[1]。黄河流域监测的水质断面中,27.0%的水质断面在Ⅲ类以上^[2]。消落带作为河流或水库的重要组成部分,是指河流或水库中由于水位季节性涨落而周期性淹没或出露水面的特殊土地区域,其功能在于缓冲和过滤水体,对维护水体和陆地环境的健康和生态至关重要^[3]。河岸带在干湿交替循环期间,不同形式的磷从土壤向水体的迁移和转化,以及它们对生物群的生物有效性的动态,对水生生态系统的可持续性至关重要^[4]。Zhang等^[5]认为,水体富营养化一定程度上会受到消落带土壤中的氮、磷的运移及释放,消落带可能是的氮、磷污染的源或汇。然而大部分学者对三峡水库之外的消落带关注却相对较少,尤其对河岸消落带的研究则更为有限。

微生物主要参与和调节土壤物质循环和生化过程^[6],在消落带的凋落物分解、养分循环、土壤理化性质改良等方面具有重要作用^[7],也能敏感地反映消落带土壤生态系统的健康状况^[6]。为此,不同的学者通过 Biolog 微平板法等方法对土壤微生物等进行了相关研究。铁展畅等^[8]利用 Biolog Eco 生态板技术对不同土地利用方式下土壤微生物代谢功能多样性分析,发现土壤微生物群落代谢差异显著。Yin等^[9]使用 Biolog 微平板法对厦门下潭尾红树林湿地公园非根际土和根际土细菌多样性和代谢功能在潮滩海拔梯度上的变化研究,发现低潮滩非根际土壤中的细菌群对碳源的利用能力最高,且碳源利用能力随潮滩水位的升高而降低,但根际土的碳源利用能力随潮滩海拔变化无明显差异。作为描述土壤微生物群落特征的一个关键指标^[10],土壤微生物群落功能多样性对显示和管理土壤生态系统至关重要。

黄河流域生态保护和高质量发展是重大国家战

略。无定河作为黄河中游重要的一级支流,也是陕西榆林地区最大的河流,其水环境质量好坏直接影响黄河中游的生态状况;大理河作为无定河的最大支流,其水生态环境质量对无定河生态保护具有重要影响。此外,大理河沿岸的土壤侵蚀严重^[11],工厂污染以及城镇化建设对水环境问题造成了极大危害^[12]。因此,研究以大理河消落带土壤微生物为对象,利用 Biolog 微平板检测技术,对消落带土壤微生物群落功能多样性的变化规律及其与环境因子的关系进行分析,可以为大理河消落带土壤状况和生态保护提供数据支持和科学指导。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

大理河位于黄河流域中游(109°14′—110°13′E, 37°30′—37°56′N),是无定河最大的支流,全长170 km,流域面积3 906 km²,主要支流有小理河、岔巴沟、驼耳巷沟等。流域西高东低,海拔796~1 744 m,地形起伏较大。流域属于典型大陆性季风气候区,多年平均气温为7.8~9.6℃,多年平均降雨量约470 mm,年径流量为1.83×10⁸ m³左右;植被稀疏,水土流失严重^[12]。

1.2 试验设计与样品采集

2020年10月用铁锹采集消落带0—5 cm土壤样品,大理河上共设置8个采样点,每个样点3组重复,共采集24份土样,共历时3 d。S1, S2, S3位于流域下游, S4, S5, S6位于流域中游, S7, S8位于流域上游。其中S1为大理河与无定河交汇处, S1, S2, S3, S4附近为人口聚集地, S5, S6, S7, S8附近有大片农地耕作,采样点如图1所示,采样点的位置信息如表1所示。采样点之间以20 km左右为间隔,由于上游人类活动较少,故样点之间间隔较大。土壤样品放入密封袋中,之后放入保温箱中低温4℃贮存,运回后一部分样品过2 mm。筛放入4℃冰箱暂存,另一部分风干,用于测定土壤理化性质。

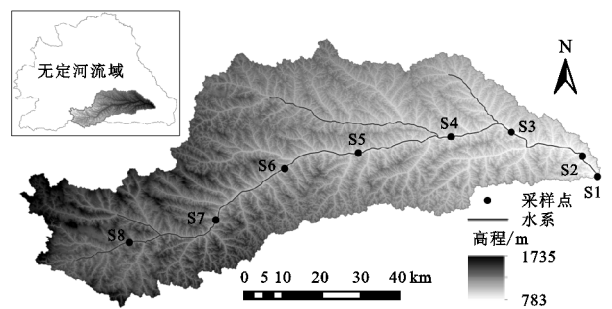


图 1 大理河采样点分布
表 1 采样点位置信息

采样点编号	经度	纬度
S1	110.224°	37.504°
S2	110.189°	37.552°
S3	110.024°	37.608°
S4	109.884°	37.597°
S5	109.668°	37.559°
S6	109.497°	37.523°
S7	109.336°	37.403°
S8	109.135°	37.351°

1.3 研究方法 with 数据处理

目前,土壤微生物群落功能多样性测定最常用的方法是 Biolog 微平板法^[8,13]。Biolog 微平板是用来分析环境样品的细菌群落,含有 31 种碳源,可以为微生物提供碳源^[14-15]。该方法是通过微生物对碳源的利用程度来指示微生物群落的代谢功能,能简单、便捷以及全方位反映土壤微生物群的功能多样性^[16]。

参考朱世硕等人^[16-17]的方法,从 4℃ 冰箱中取出土样,称取相当于 10 g 烘干土重的新鲜土样加入装有 90 mL 灭菌生理盐水的三角瓶中,加无菌棉花塞,振荡 30 min 后,静置 15 min,用移液枪吸取 10 mL 上清液,加入 90 mL 灭菌生理盐水,按逐步稀释法,将溶液稀释为 10⁻³ 梯度液。借助加样槽和排枪,分别将各土样的 10⁻³ 稀释液接种到 96 微孔 Biolog-ECO 生态测试板上,每孔接种量为 150 μL,每样 1 板。全部样品接种完毕后,将接种好的测试板在 (25±1)℃ 培养箱中连续培养 168 h,每隔 24 h 用酶标仪读取 590 nm 下的吸光值。

土壤样品风干后过 2 mm 筛,所有试验均在同年 11 月进行。土壤颗粒组成用激光粒度仪 (MS-2000, 美国) 进行分析;10 g 土壤倒入 25 mL KCL 溶液 (1 mol/L) 后用振荡机振荡后静置,取上清液用 pH 计测定土壤 pH 值;土壤有机碳使用有机碳分析仪 (multi N/C 3100, 德国) 测定;全磷、氨氮、速效磷含量采用全自动间断化学分析仪 (CleverChem 200, 德国) 测定,土壤全氮用全自动凯式定氮仪 (Foss 8400) 测定。

用以下公式和方法对数据进行处理:

Biolog-ECO 生态板的平均颜色变化率 (AWCD,

average well color development) :

AWCD=∑(Ci-R)/n (1)

式中: Ci 为测定的碳源孔吸光值,无量纲; R 为对照孔吸光值,无量纲; n 为 31,是碳源数目。

Shannon 多样性指数 (H):

H=-∑Pi×lnPi (2)

式中: Pi 为第 i 孔吸光值减去对照孔吸光值后,与全部碳源孔吸光值减去对照孔吸光值总和的比,即:

Pi=(Ci-R)/∑(Ci-R) (3)

Simpson 多样性指数 (D):

D=1-∑(Pi)² (4)

群落多样性指数能够反映土壤微生物群落的功能多样性,常见的指数为 Shannon 指数和 Simpson 指数,其中 Shannon 指数用于表征物种的丰富度^[18],其数值越大,表示微生物群落的丰富度越高; Simpson 指数用于估计某些最常见种的优势度^[19],数值越大,代表某些微生物种群的优势度越大。

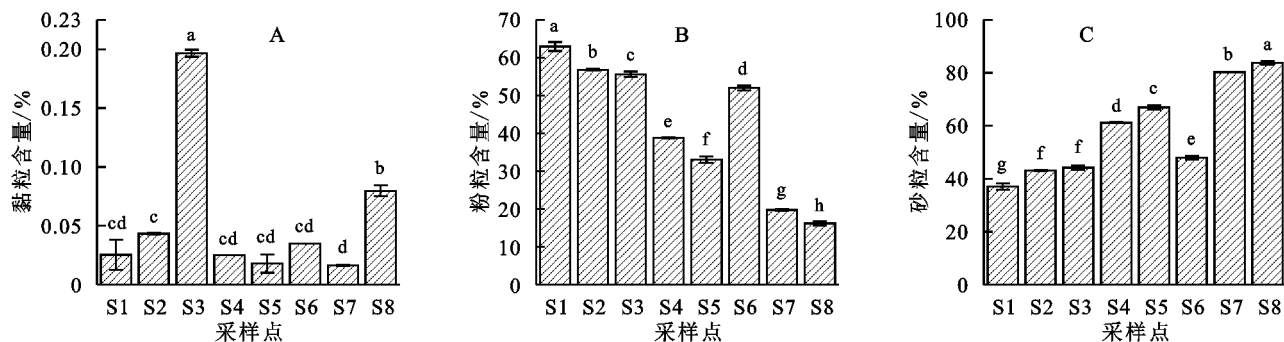
采用单因素方差分析 (One-way ANOVA) 对土壤理化性质数据和土壤微生物利用不同类型碳源数据及群落多样性指数数据进行处理,采用主成分分析对土壤微生物群落的单一碳源利用特征进行分析,采用 Pearson 相关分析对土壤微生物群落多样性与土壤理化性质相关性进行分析。单因素方差分析、主成分分析、Pearson 相关系数等采用 SPSS 24.0 软件,图形绘制采用 Origin 2017 软件,对数据进行分析。

2 结果与分析

2.1 消落带土壤理化性质

土壤粒径按照美国制的分级标准划分为 3 个区间,分别为黏粒 (0~2 μm)、粉粒 (2~50 μm) 和砂粒 (50~2 000 μm)^[20]。消落带土壤颗粒分级见图 2,除 S6 外,总体从河源附近到河口砂粒逐渐减少,粉粒逐渐增多。河口 S1 处的土壤粉粒含量为 62.97%,砂粒含量为 37.01%,河源附近 S8 处的土壤粉粒含量为 16.19%,砂粒含量为 83.73%,两者之间存在显著性差异 (p<0.05)。

不同点位消落带土壤基本理化性质测定结果见图 3。大理河消落带 pH 均在 7.57 以上。土壤全氮、有机碳、速效磷这 3 个指标差异较为显著 (p<0.05),土壤全磷和土壤氨氮含量差异不大。流域下游全氮含量均值最大,为 0.224 g/kg;中游有机碳含量均值最大,为 17.71 g/kg;速效磷含量均值最大出现在上游,为 21.92 mg/kg;上、中、下游土壤全磷含量均值分别为 0.432 g/kg,0.416 g/kg,0.420 g/kg,氨氮含量均值分别为 22.53 mg/kg,22.37 mg/kg,20.99 mg/kg。



注: S1—S8 表示采样点, 不同小写字母代表差异显著 ($p < 0.05$), 下同。

图2 消落带土壤颗粒分级

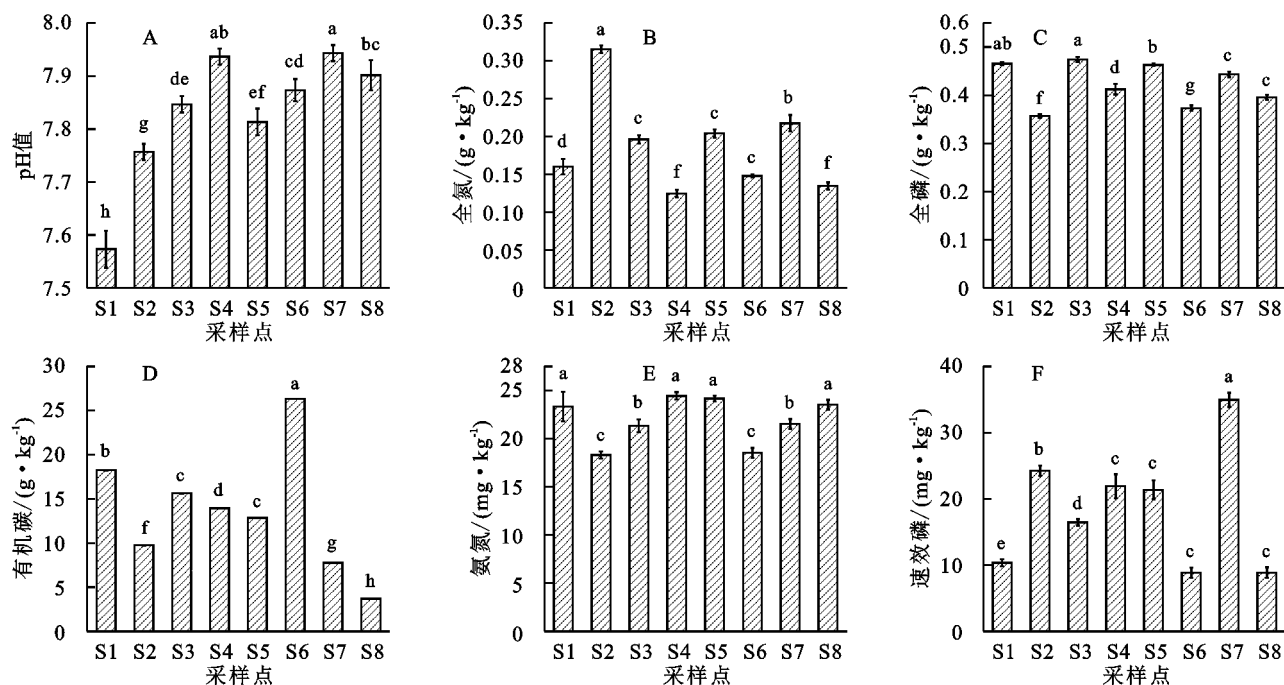


图3 消落带土壤理化性质

2.2 消落带土壤微生物利用全部碳源变化特征

土壤微生物群落对各种碳源的整体利用情况可以 AWCD 表示^[18]。AWCD 值越大, 表明土壤微生物对碳源的整体利用情况较好^[17]。在 7 d 的培养周期内, 消落带土壤微生物群落的 AWCD 值随培养时间的变化如图 4 所示, 可以看出土壤微生物对相同的碳源有着不同的利用能力。曲线与微生物生长特征相似。培养 3 d 时土壤微生物群落的 AWCD 值比较接近极值的一半, 且大部分曲线增速有所减缓并趋于平稳, 故此时的吸光值能最真实地反映微生物群落利用碳源的情况^[17, 19]。

消落带土壤微生物群落的 AWCD 值均随培养时间增加呈上升变化趋势, 在培养初期 0~1 d 呈较缓慢增长趋势, 1 d 后和之前相比变化速率较为明显, 其中 S2, S5, S7 和 S8 的 AWCD 值增长速度相对较快, 其他 4 组增长速度较为缓慢。在 2 d 后各组均呈现较快的增长趋势, 各点位 AWCD 值以不同增长速

度达到不同的最大 AWCD 值。S2 与 S5 的 AWCD 值较其他组呈现较高水平, 而 S1 的 AWCD 值最小。培养 3 d 时消落带土壤微生物的碳源利用水平为 S5 > S2 > S7 > S8 > S3 > S6 > S4 > S1, 土壤微生物群落 AWCD 值的均值为中游 > 上游 > 下游, 说明消落带中游土壤微生物具有最强的代谢能力。

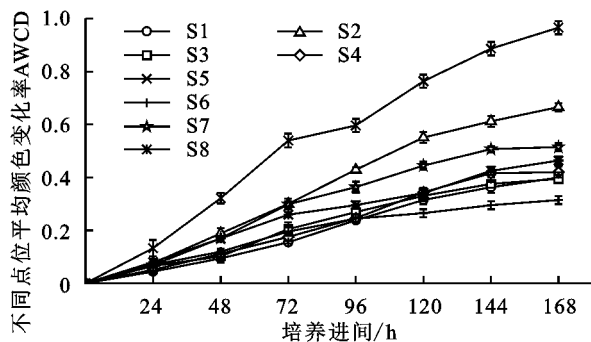


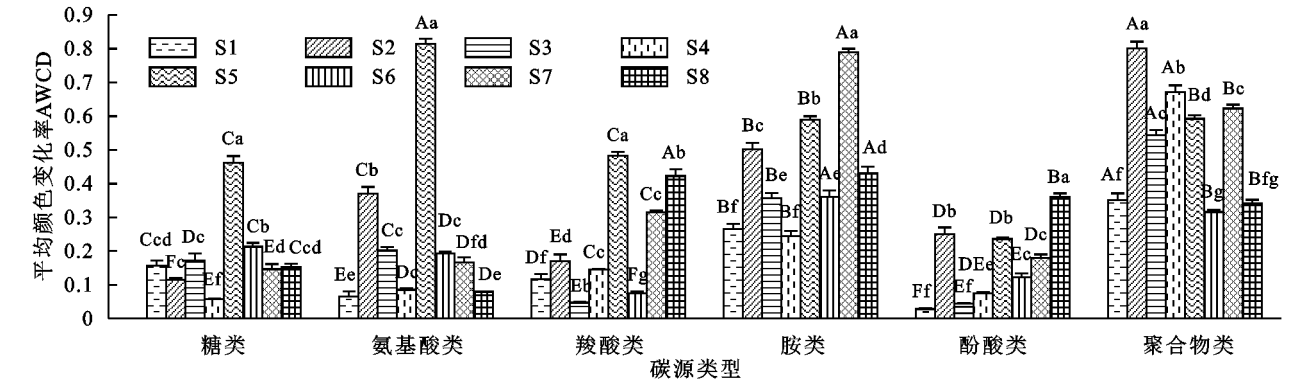
图4 消落带土壤微生物群落的 AWCD 值变化

2.3 消落带土壤微生物利用不同碳源的差异性

比较培养 3 d 土壤微生物利用各类碳源的

AWCD 值(见图 5),不同点位微生物利用同一类型碳源有明显差异($p<0.05$)。从不同点位来看,农作区(S5,S6,S7,S8)的 AWCD 值普遍比城镇(S1,S2,S3,S4)的高,特别是对羧酸类和胺类碳源的利用存在显著差异($p<0.05$)。上游(S7,S8)利用的碳源主要为羧酸类、胺类、酚酸类和聚合物类 4 种,中游(S4,

S5,S6)利用碳源主要为胺类和聚合物类,下游(S1,S2,S3)的碳源类型主要为胺类和聚合物类。总体来看,胺类和聚合物类为大理河消落带土壤微生物利用的主要碳源。土壤微生物对不同种类碳源的利用强度不同,反映了不同河道位置土壤微生物在数量和种群上的差别。



注:大写字母表示同一部位利用不同碳源差异显著($p<0.05$),小写字母表示不同部位利用同一碳源差异显著($p<0.05$)。

图 5 不同点位消落带土壤微生物群落碳源利用特征

2.4 消落带土壤微生物群落功能多样性主成分分析

通过培养 3 d 的吸光值,采用主成分分析法对消落带土壤微生物群落的单一碳源利用特征进行分析。在 31 个因子中,提取累计方差贡献率达到 96.5% 的 6 个主成分,其中 PC1 和 PC2 (特征根分别为 8.6, 6.1) 的累计方差贡献率达到 50.16%,故选取这 2 个主成分分析微生物群落功能多样性。消落带土壤微生物碳源利用的主成分分析结果(图 6),可以看出,不同点位在 PC1 和 PC2 中均出现了明显的分异:PC1 中,除下游 S2 处和上游 S5 处得分系数为正值外,其余点位全部为负值;PC2 中,下游得分系数除 S3 外均为正值,中游得分系数除 S6 外均为正值,上游得分系数为负值。

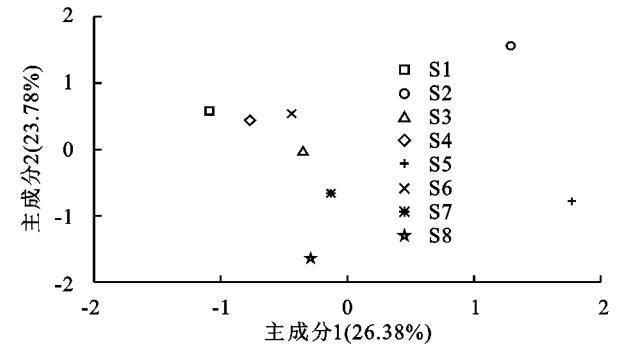


图 6 消落带土壤微生物碳源利用类型的主成分分析

各因子在主成分中的权重用初始载荷值表示,载荷值越大,表明该类碳源对主成分的影响也越大。从表 2 可以看出,对 PC1 贡献较大的碳源有 13 种,其中糖类 2 种、氨基酸类 4 种、羧酸类 2 种、胺类 2 种、酚酸类 1 种、聚合物类 2 种,其中氨基酸类碳源中甘氨酸-L-谷氨酸的载荷因子为 0.949,L-天门冬酰胺的

载荷因子为 0.933,由此可见,对该主成分起分异作用的碳源主要为氨基酸类。在 PC2 中,贡献较大的共有 11 种碳源,其中糖类 2 种、氨基酸类 1 种、羧酸类 4 种、酚酸类 1 种、聚合物类 3 种,可见对本主成分起分异作用的碳源主要为羧酸类和聚合物类。

表 2 主成分载荷矩阵

成分	碳源种类	碳源名称	载荷因子
PC1	糖类	α-D-乳糖	0.789
		D-甘露醇	0.761
	氨基酸类	甘氨酸-L-谷氨酸	0.949
		L-天门冬酰胺	0.933
		L-丝氨酸	0.738
		L-苏氨酸	0.547
	羧酸类	D-葡萄糖胺酸	0.734
		丙酮酸甲酯	0.555
	胺类	苯乙胺	0.694
		腐胺	0.542
	酚酸类	2-羟基苯甲酸	0.855
	聚合物类	吐温 80	0.726
		α-环式糊精	0.659
PC2	糖类	D-甘露醇	-0.56
		1-磷酸葡萄糖	-0.542
	氨基酸类	L-苯丙氨酸	0.865
		D-苹果酸	-0.843
	羧酸类	衣康酸	0.715
		D-半乳糖醛酸	-0.646
	酚酸类	丙酮酸甲酯	0.617
		4-羟基苯甲酸	-0.528
	聚合物类	肝糖	0.618
		α-环式糊精	0.612
		吐温 40	-0.521

2.5 消落带土壤微生物群落多样性指数

培养3 d时土壤微生物群落多样性指数有明显差异($p < 0.05$),大理河不同点位消落带土壤微生物群落多样性指数见表3。Shannon多样性指数和Simpson优势度指数分别用于评估土壤中微生物群落的丰富度和优势度^[16]。下游和中游、上游相比,消落带土壤微生物群落的Shannon多样性指数差异显著($p < 0.05$),下游的Shannon多样性指数最大,为2.82,上游的Shannon多样性指数最小,为2.61。中游和上游之间的Simpson优势度指数差异不显著($p > 0.05$),但都与下游的Simpson优势度指数存在显著性差异($p < 0.05$)。多样性指数越大,则微生物群落的多样性越高^[8,16],此试验结果显示,下游消落带土壤微生物群落多样性显著高于上游和中游消落带。

2.6 土壤微生物群落多样性与土壤理化性质的相关性

微生物多样性指数与土壤理化性质的相关性如表4所示,从表中可以看出Shannon多样性指数和Simpson优势度指数与粉粒和全氮呈显著正相关($p < 0.05$),但与砂粒和pH呈显著负相关($p < 0.05$),而

这2种微生物多样性指数均与土壤黏粒、全磷、有机碳、氨氮、速效磷的相关性均不显著,说明土壤粉粒、砂粒、pH和全氮能显著影响微生物群落的多样性(表5)。

表3 72 h不同点位消落带土壤微生物群落多样性指数

点位	Shannon多样性指数	Simpson优势度指数
S1	2.87±0.02a	0.93±0.01a
S2	2.85±0.01ab	0.92±0.01ab
S3	2.74±0.02d	0.91±0.00b
S4	2.66±0.03e	0.89±0.00c
S5	2.83±0.02bc	0.93±0.01a
S6	2.66±0.02e	0.89±0.00c
S7	2.63±0.02e	0.89±0.00c
S8	2.58±0.02f	0.89±0.01c
下游均值	2.82±0.06a	0.92±0.01a
中游均值	2.72±0.09b	0.90±0.02b
上游均值	2.61±0.03c	0.89±0.01b

注:同列不同字母代表指数差异显著($p < 0.05$),不同点位的多样性指数进行比较,不同河段的多样性指数进行比较。

表4 土壤微生物群落多样性指数与土壤理化性质相关性

群落多样性指数	黏粒	粉粒	砂粒	pH	全氮	全磷	有机碳	氨氮	速效磷
Shannon多样性指数	-0.084	0.688**	-0.687**	-0.820**	0.523**	0.247	0.237	-0.103	-0.012
Simpson优势度指数	0.003	0.542**	-0.542**	-0.742**	0.433*	0.393	0.146	0.032	-0.039

注:*表示在0.05水平下相关性显著,**表示在0.01水平下相关性极显著,下同。

表5 土壤理化性质之间的相关性

土壤理化	黏粒	粉粒	砂粒	pH	全氮	全磷	有机碳	氨氮	速效磷
黏粒	1.000								
粉粒	0.208	1.000							
砂粒	-0.211	-1.000**	1.000						
pH	0.082	-0.681**	0.680**	1.000					
全氮	0.006	0.234	-0.233	-0.216	1.000				
全磷	0.261	0.009	-0.010	-0.227	-0.193	1.000			
有机碳	-0.021	0.683**	-0.682**	-0.277	-0.264	0.020	1.000		
氨氮	-0.107	-0.410*	0.410*	0.032	-0.554**	0.562**	-0.317	1.000	
速效磷	-0.253	-0.320	0.321	0.348	0.544**	0.111	-0.426*	-0.028	1.000

土壤理化性质之间的相关性如表5所示,分析结果显示,粉粒与砂粒、pH呈极显著负相关($p < 0.05$),与有机碳呈极显著正相关($p < 0.05$),与氨氮呈显著负相关($p < 0.05$);砂粒与pH呈极显著正相关($p < 0.05$),与有机碳呈极显著负相关($p < 0.05$),与氨氮呈显著负相关($p < 0.05$);全氮与氨氮呈极显著负相关($p < 0.05$),与速效磷呈极显著正相关($p < 0.05$);全磷与氨氮呈极显著正相关($p < 0.05$),有机碳与速效磷呈显著负相关($p < 0.05$)。

3 讨论

3.1 消落带土壤微生物碳源利用能力的差异

大理河中游消落带土壤微生物对碳源的利用能力最强,上游次之,下游最弱,原因可能是:首先,上游是河源区,受人为活动的干扰较少,且耕作面积较中游少,土壤微生物群落受到干扰较少,微生物的碳源利用能力较高^[16];中游城镇和村庄聚集,耕作施肥后丰富的营养物质会促进微生物的生长和繁殖^[21],且

地表凋落物的增加会为微生物的生存提供更多的碳源^[22-23],进而提高微生物对碳源的利用能力,使得中游(S5)微生物群落的碳源利用能力比上游更强,但S4和S6的微生物碳源利用能力比上游弱,可能是人为活动的干扰大于施肥对微生物群落的影响;下游是人类活动更为频繁的城镇居民区,周边土壤侵蚀产生的泥沙及其携带的污染物会淤积沉淀在消落带内,以及河岸附近生活污水排放附带的碳源会补给微生物的生存,可能会改变土壤微生物的生活环境,使得微生物的习性发生改变,导致下游的微生物对碳源的利用能力变弱。其次,Bardget等^[24-25]认为,土壤微生物生活环境的变化可能受到土壤理化性质的影响,上游、中游及下游消落带土壤理化性质的不同,可能会影响土壤微生物的生存环境,进而影响土壤微生物的分布及多样性。

3.2 消落带土壤微生物碳源利用的类型

本研究中胺类和聚合物类碳源是土壤微生物利用的主要碳源,说明胺类和聚合物类有机物质是土壤中大多数微生物群落的基础代谢物质。但朱世硕等^[17]研究发现黄土区侵蚀坡面土壤微生物群落利用的主要碳源是氨基酸类和酯类,碳源利用能力主要受外源添加有机肥的影响;闫法军等^[26]对池塘底质微生物群落进行研究发现,聚合物类、糖类、羧酸类和氨基酸类是底泥微生物利用效率较高的碳源。本研究与这些学者的研究结果略有不同,可能是消落带土壤常年处于淹水环境以及微生物以厌氧型为主,导致土壤微生物的喜胺性,这也与隋心等的研究一致^[27]。由于Biolog微平板的局限性,无法获取详尽的微生物群落的信息^[28]以及某些土壤微生物无法培养^[29],下一步工作将借助高通量测序等手段以更好了解微生物多样性的组成。

3.3 消落带土壤微生物群落多样性的变化

Shannon多样性指数和Simpson优势度指数是描述微生物多样性的常用指标,结合不同的多样性指数可以分析微生物群落的功能多样性^[16]。本研究采用这两种指数分析了消落带土壤微生物群落的多样性。研究表明,下游消落带的Shannon多样性指数和Simpson优势度指数均高于中游和上游,说明下游消落带土壤微生物的功能多样性强于中游和上游。消落带土壤微生物多样性指数与土壤理化性质存在一定的相关性,Shannon多样指数和Simpson优势度指数均与粉粒及全氮含量呈显著正相关关系,而与砂粒和pH均呈极显著负相关关系,说明土壤粉粒和

全氮可以正向影响土壤微生物的多样性,而砂粒和pH能负向影响土壤微生物的多样性,这也是消落带土壤微生物多样性存在差异的主要原因^[30]。这与闫法军等^[16,26]人的研究结果相似,说明消落带土壤微生物群落与土壤理化性质之间存在显著作用关系。与其他学者^[16,17,29,31]研究结果不同的是,消落带土壤微生物碳源利用能力与功能多样性的变化趋势并不一致,可能是上、中、下游消落带土壤微生物群落的生活环境差异太大,导致其中的微生物群落的丰度和功能发生了较大的差异,使得功能多样性较高的土壤微生物具有较低的碳源利用能力。

4 结论

大理河消落带不同点位土壤微生物对碳源的利用能力总体为中游>上游>下游,胺类和聚合物类是大理河消落带土壤微生物群落利用的主要碳源。在河岸带的修复过程中应考虑全氮和pH的影响,对于氮元素缺少的区域,可以通过添加适量的氮元素来增加微生物的多样性;对于pH较高的土壤,可以通过土壤改良措施降低土壤的酸碱度,改善微生物的生存环境。黄河泥沙的减少,在一定程度上有助于增加微生物的多样性。另外,流域治理要考虑上、中、下游的差异,根据实际情况实施相应的生态治理措施,改善流域的生态环境。

参考文献:

- [1] 周琦.流域水环境综合治理设计研究[D].南京:南京农业大学,2018.
- [2] 中华人民共和国生态环境部.2019年中国生态环境状况公报[R].北京:中国环境出版社.
- [3] 秦红,任庆水,杨文航,等.三峡库区城乡消落带人工植被恢复土壤放线菌多样性特征[J].环境科学,2017,38(5):2065-2073.
- [4] Chen Z, Fang F, Shao Y, et al. The biotransformation of soil phosphorus in the water level fluctuation zone could increase eutrophication in reservoirs[J]. Science of the Total Environment, 2021,763:142976.
- [5] Zhang B, Fang F, Guo J S, et al. Phosphorus fractions and phosphate sorption-release characteristics relevant to the soil composition of water-level-fluctuating zone of Three Gorges Reservoir [J]. Ecological Engineering, 2012,40:153-159.
- [6] 肖方南,姜梦,李媛媛,等.塔里木河下游怪柳灌丛土壤真菌群落结构及多样性分析[J].干旱区地理,2021,44(3):759-768.
- [7] 张力斌,何明珠,张克存,等.干旱风沙区植被重建初期

- 对土壤微生物群落结构的影响[J].干旱区地理,2022,45(6):1916-1926.
- [8] 铁展畅,罗明,阿不都克尤木,等.塔吉克斯坦不同土地利用方式对土壤微生物群落功能多样性的影响[J].干旱区地理,2014,37(5):1019-1028.
- [9] Yin Y, Yan Z. Variations of soil bacterial diversity and metabolic function with tidal flat elevation gradient in an artificial mangrove wetland[J]. *Science of the Total Environment*, 2020,718:137385.
- [10] 叶飞,宋存江,陶剑,等.转基因棉花种植对根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J].应用生态学报,2010,21(2):386-390.
- [11] 杨殊桐,时鹏,李占斌,等.大理河流域退耕还林工程对生态系统服务功能的影响[J].水土保持研究,2018,25(6):251-258.
- [12] 刘然,徐国策,李占斌,等.陕西大理河流域枯水期土地利用结构对河流水质的影响[J].地球科学与环境学报,2022,44(2):327-337.
- [13] 王宇峰,孟会生,李廷亮,等.培肥措施对复垦土壤微生物碳氮代谢功能多样性的影响[J].农业工程学报,2020,36(24):81-90.
- [14] Gao Q, Yang Y, Feng J, et al. The spatial scale dependence of diazotrophic and bacterial community assembly in paddy soil [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2019,28(8):1093-1105.
- [15] Li C, Liu X, Meng M M, et al. The use of Biolog Eco microplates to compare the effects of sulfuric and nitric acid rain on the metabolic functions of soil microbial communities in a subtropical plantation within the Yangtze River Delta region [J]. *Catena*, 2021, 198: 105039.
- [16] 王超群,焦如珍,董玉红,等.不同林龄杉木人工林土壤微生物群落代谢功能差异[J].林业科学,2019,55(5):36-45.
- [17] 朱世硕,夏彬,郝旺林,等.黄土区侵蚀坡面土壤微生物群落功能多样性研究[J].中国环境科学,2020,40(9):4099-4105.
- [18] 邓娇娇,朱文旭,周永斌,等.不同土地利用模式对辽东山区土壤微生物群落多样性的影响[J].应用生态学报,2018,29(7):2269-2276.
- [19] 贾鹏丽,冯海艳,李森.东北黑土区不同土地利用方式下农田土壤微生物多样性[J].农业工程学报,2020,36(20):171-178.
- [20] 刘辉,吴小芹,任嘉红,等.荧光假单胞菌与红绒盖牛肝菌共接种对杨树根际土壤酶活性及微生物多样性的影响[J].林业科学,2019,55(1):22-30.
- [21] 刘银银,李峰,孙庆业,等.湿地生态系统土壤微生物研究进展[J].应用与环境生物学报,2013,19(3):547-552.
- [22] 李文娟,朱凯,冉义国,等.土地利用与反季节水位波动影响下土壤活性有机碳的组分特征[J].水土保持学报,2021,35(2):178-183,192.
- [23] Crow S E, Lajtha K, Filley T R, et al. Sources of plant-derived carbon and stability of organic matter in soil: implications for global change [J]. *Global Change Biology*, 2010,15(8):2003-2019.
- [24] Bardgett R D, Caruso T. Soil microbial community responses to climate extremes: resistance, resilience and transitions to alternative states [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 2020, 375 (1794): 20190112.
- [25] Cui Y, Bing H, Fang L, et al. Diversity patterns of the rhizosphere and bulk soil microbial communities along an altitudinal gradient in an alpine ecosystem of the eastern Tibetan Plateau [J]. *Geoderma*, 2019, 338: 118-127.
- [26] 闫法军,田相利,董双林,等.刺参池塘底质微生物群落功能多样性的季节变化[J].生态学报,2014,34(11):2996-3006.
- [27] 隋心,张荣涛,杨立宾,等.三江平原不同类型小叶章湿地土壤细菌群落功能多样性[J].环境科学研究,2016,29(10):1479-1486.
- [28] 杜毅飞,方凯凯,王志康,等.生草果园土壤微生物群落的碳源利用特征[J].环境科学,2015,36(11):4260-4267.
- [29] 翟辉,张海,张超,等.黄土崩状丘陵区不同类型林分土壤微生物功能多样性[J].林业科学,2016,52(12):84-91.
- [30] 李秀清,李晓红.潘阳湖湿地不同植物群落土壤养分及微生物多样性研究[J].生态环境学报,2019,28(2):385-394.
- [31] 安丽芸,李君剑,严俊霞,等.微生物多样性对土壤碳代谢特征的影响[J].环境科学,2017,38(10):4420-4426.