

DOI:10.13869/j.cnki.rswc.2023.05.055.

贺高航, 李彤彤, 王晓璐, 等. 黄土区沟道泥沙真菌群落结构功能变化特征[J]. 水土保持研究, 2023, 30(5): 274-282.

HE Gaochang, LI Tongtong, WANG Xiaolu, et al. Variations of Sediment Fungal Community Structure and Function Across a Catchment in Loess Plateau[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2023, 30(5): 274-282.

黄土区沟道泥沙真菌群落结构功能变化特征

贺高航¹, 李彤彤¹, 王晓璐¹, 张宁¹, 陈岩², 高胜¹, 王蕊^{1,2,3}, 郭胜利^{1,2,3}

(1.西北农林科技大学 水土保持研究所, 陕西 杨凌 712100; 2.西北农林科技大学

资源环境学院, 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: [目的]探究沟道泥沙迁移过程中的真菌群落结构功能变化特征, 有利于完善泥沙侵蚀研究, 可为侵蚀区生态系统演变过程提供理论支撑。[方法]基于黄土区典型小流域汛期主沟道不同空间位置的悬移质泥沙, 通过 ITS 高通量测序, 分析真菌群落从沟头到把口的变化特征及其影响因素。[结果]从沟头到把口, 悬移质泥沙真菌群落 shannon 指数和 chao1 指数降低 23.2% 和 33.2%, 真菌群落多样性和丰富度沿泥沙迁移方向显著下降 ($p < 0.05$), 且真菌群落结构存在空间异质性。从沟头到把口, 子囊菌门 (Ascomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota) 相对丰度降低 7.6% 和 6.9%; 腐生营养型真菌 (Saprotroph) 相对丰度降低 6.0%。真菌共发生网络从沟头到把口趋于简化, 群落稳定性和抗干扰能力逐渐减弱。悬移质泥沙真菌群落多样性 (shannon) 和丰富度 (chao1) 与有机碳 (OC)、全氮 (TN)、速效磷 (Olsen-P) 含量呈显著负相关关系 ($p < 0.05$), 与 $> 63 \mu\text{m}$ 粒级含量呈显著正相关关系 ($p < 0.05$)。[结论]沟道泥沙真菌群落的多样性、丰富度和稳定性在迁移过程发生变化, 粒级组成和碳氮磷含量是其重要影响因素。

关键词: 悬移质泥沙; 真菌群落; 粒级组成; 养分含量

中图分类号: X172

文献标识码: A

文章编号: 1005-3409(2023)05-0274-09

Variations of Sediment Fungal Community Structure and Function Across a Catchment in Loess Plateau

HE Gaochang¹, LI Tongtong¹, WANG Xiaolu¹, ZHANG Ning¹, CHEN Yan²,

GAO Sheng¹, WANG Rui^{1,2,3}, GUO Shengli^{1,2,3}

(1. Institute of Soil and Water Conservation, Northwest A&F University, Yangling 712100, China;

2. College of Natural Resources and Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 3. Institute of

Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resources, Yangling 712100, China)

Abstract: [Objective] Exploring variations of fungal community structure and function during sediment transfer across a catchment is conducive to consummating the study of sediment erosion, and provides theoretical support for understanding the evolution process of the ecosystem in eroded region. [Methods] Suspended sediments were collected from different geospatial locations under the main valley bottom during flood season at a typical small watershed in Loess Plateau. Physicochemical properties of suspended sediments were measured and the characteristics of sediments fungal community were determined by the high-throughput sequencing of ITS. [Results] Shannon index and chao1 index of suspended sediments fungal community decreased by 23.2% and 33.2% from gully head to dam, which meant fungal community diversity and richness were decreased significantly along the direction of sediment transfer ($p < 0.05$), and the spatial heterogeneity showed in fungal community structure. From gully head to dam, the relative abundance of Ascomycota and

收稿日期: 2022-07-19

修回日期: 2022-08-16

资助项目: 国家自然科学基金 (42107360); 中央高校基本科研业务费 (2452021032)

第一作者: 贺高航 (1997—), 男, 贵州安龙人, 硕士研究生, 研究方向为流域生态。E-mail: talkhe@qq.com

通信作者: 郭胜利 (1969—), 男, 河北栾城人, 博士, 研究员, 主要从事碳氮生物地球化学循环研究。E-mail: slguo@ms.iswc.ac.cn

<http://stbcyj.paperonce.org>

Basidiomycota decreased by 7.6% and 6.9%, and the relative abundance of Saprotrroph decreased by 6.0%. The fungal co-occurrence networks became simpler from gully head to dam, which meant the stability and anti-interference ability of fungal community were weakened gradually. The fungal community diversity (Shannon) and richness (chao1) of suspended sediments were negatively correlated with OC, TN and Olsen-P ($p < 0.05$), were positively correlated with the $> 63 \mu\text{m}$ content ($p < 0.05$). [Conclusion] The diversity, richness, and stability of sediment fungal community changed during transport process across a catchment, particle composition and CNP contents appeared to be the crucial influence factors.

Keywords: suspended sediments; fungal community; particle composition; nutrient content

侵蚀是最普遍的土地退化形式,全球每年约 30~100 Pg 的土壤因侵蚀而重新分布^[1-2]。据估计,每年从陆地经河流输移到海洋的泥沙达到 366 亿 t^[2-3]。黄土高原每年有超过 2 亿 t 泥沙经过各级沟道进入河道,最终沉积到海洋^[4]。在黄土高原地区,沟道系统是侵蚀产沙的重要场所,产沙量可占侵蚀总量的 80%,同时也是泥沙迁移和沉积的主要通道^[5]。输移的泥沙会因粒级和沉降速率差异而在沟道呈现出不同的迁移—沉积特征^[6]。作为土壤碳氮元素和微生物的载体,泥沙迁移—沉积对物质和能量循环有着重要作用^[7]。探讨沟道泥沙迁移过程对陆地生态系统碳氮循环的影响,不仅有助于理解侵蚀区陆地生态系统的演化,也便于了解泥沙沉积区生态系统变化过程^[8-9],完善黄土高原泥沙侵蚀研究,为进一步探讨其他水土流失类型区的生态系统变化提供思路。

真菌作为养分循环和能量流动的重要驱动者,对维持生态系统的稳定和正常运转具有重要意义^[10-11]。真菌通常参与物质分解和养分转化过程,并且拥有强于其他微生物的降解能力^[12],尤其对惰性有机质的分解作用至关重要^[13]。真菌的生态作用过程主要受群落结构影响^[14],例如,群落多样性、丰富度、物种丰度等结构指标变化会影响群落内的种间关系^[15-16],导致真菌活动强度发生变化,进而影响土壤的养分转化效率^[17]。真菌群落易受到温度、水分、底物、pH 值等环境因素影响^[18-19]。侵蚀迁移过程中土壤泥沙颗粒组成、养分含量等环境因素变化会显著影响真菌群落结构和功能^[20-21],然而沟道泥沙迁移过程中真菌群落结构功能的变化及其影响因素鲜有报道。

黄土高原是我国典型的水土流失区,沟道是坡面泥沙和碳氮磷等营养元素进入河流的主要通道。本研究针对黄土区典型流域主沟道,从沟头到把口等间距采集汛期悬移质泥沙样品,通过高通量测序技术获取样品中的真菌群落信息,分析沟道悬移质泥沙中真菌群落结构的变化特征,探究泥沙迁移过程中真菌群落变化的主要影响因素,以期为了解侵蚀区生态系统的演变过程提供理论支撑,并为掌握生态系统变化与更多微生物之间规律的研究贡献思路。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于陕西省长武县王东沟流域(东经 107°40'—107°42',北纬 35°13'—35°16'),依托“陕西长武农田生态系统国家野外科学观测研究站”(简称长武站)开展相关试验。王东沟流域面积 8.3 km²,沟壑密度 2.78 km/km²,塬面、坡地和沟道各占流域面积的 1/3,是典型的黄土高原沟壑区,流域所处区域气候为温带大陆性季风气候,年平均气温 9.1℃,大于 10℃ 积温 3 029℃,年日照时数 2 230 h,无霜期 171 d,年平均降水量 586 mm,降水主要集中在 7—9 月,占全年降水量的 55%。流域内的主要土壤类型为黑垆土和黄绵土,母质为深厚的中壤质马兰黄土,土质疏松,质地均一,可蚀性强^[22]。流域主沟道两侧坡地主要为刺槐林和荒草地,土地利用单一且沿途变化较小,坡地到沟底河道之间有宽 2~5 m 的漫滩平地作为缓冲,可减少坡面土壤进入河流,沟道及附近无人居住,且全程无明显支流。

1.2 样品采集与处理

2020 年 8 月 5 日,沿王东沟流域主沟道,在比降较大的上游区域选取 2 个样点,间距 1 000 m,海拔落差 40 m,分别命名为沟头和上游;在比降较小的中下游区域选取 2 个样点,间距 1 200 m,海拔落差 30 m,分别命名为中游和下游;上游和中游两个样点间距 1 200 m,海拔落差 30 m;在距离下游样点 1 200 m,海拔落差 30 m 的沟道河流交汇处选取第 5 个样点,命名为把口。各样点河流宽约 75 cm,向其中放置长宽高分别为 20 cm×14 cm×8 cm 的塑料泥沙承接盘,在河流中线位置布设第 1 个重复,从中线向两侧分别等距布设 2 个重复,使 5 个重复在河流横向均匀分布,并就地采取树枝对承接盘进行固定。8 月 7 日,该地区发生一场历时 3 h、降水量 64 mm 的降雨,考虑洪峰携带泥沙的滞后性,于 8 月 9 日前往沟道回收承接盘,共采集沟道悬移质泥沙样品 25 个。

各样品混合均匀后分成三份:一份放置于-80℃

的超低温冰箱,用于真菌指标的测定;一份放在室内自然风干,用于理化性质的测定;一份用于粒级筛分。根据泥沙迁移特征, $>63\ \mu\text{m}$ 粒级容易在沿途沉积, $<63\ \mu\text{m}$ 粒级更容易进入水体^[6],因此本研究将 $63\ \mu\text{m}$ 作为粒级划分的界限。为尽可能模拟泥沙颗粒在天然水体中的侵蚀迁移过程,及其受到的浸泡、分散作用,本研究采用沉降管法进行粒级划分^[23]。根据斯托克斯 (Stokes) 定律和等效石英粒径 (EQS) 概念计算出沉降时间^[24],分级完成后,再将各粒级样品分为两份,分别冷冻和自然风干,用作真菌指标和理化性质的测定。

1.3 DNA 提取与高通量测序

采用 Fast DNA SPIN Kit for soil 试剂盒提取样本中的 DNA,通过分光光度法对所提取的 DNA 质量进行检查。采用引物 ITS5 ($5'$ -GGAAGTAAAGTCGTAA-CAAGG- $3'$) 和 ITS1 ($5'$ -GCTGCGTTCATCGATGC- $3'$) 对真菌 ITS 区进行扩增^[25]。采用 DNA 凝胶提取试剂盒 (Axygen, USA) 对扩增产物进行纯化和定量,运用 TruSeq[®] DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 制备序列文库,最后用 Illumina Hi Seq 2 500 PE250 平台进行高通量测序。使用 QIIME 包 (Version 1.9.1) 对高通量序列进行提取^[26],再根据以下标准对原始 FASTQ 文件进行解负及质量过滤:(1) 在滑动窗口 (10 bp) 将获得平均质量分数小于 20 的任何点位截短 300 bp,舍弃小于 50 bp 的读数;(2) 条形码精确匹配,引物匹配的两个核苷酸错配,去除具有模糊特征的读数;(3) 仅采用重叠序列组装长于 10 bp 的重叠序列,去除无法组装的序列。将唯一序列集分类为具有 97% 相似性阈值的操作分类单元 (OTU)。运用 Usearch (8.0.162 3 版本) 鉴定并去除嵌合序列。最后以 90% 的置信度阈值对数据库中的每个 ITS 基因序列进行分析和分类,生态功能分类则是通过 FunGuild 工具实现^[27]。

1.4 理化性质测定

采用分级前后的风干泥沙样品,取一部分用盐酸浸泡以去除无机碳,用蒸馏水反复洗净降低酸性,烘干研磨过 $0.15\ \text{mm}$ (100 目) 筛,用元素分析仪 (Vario EL max CN, Elementar Analysensystem GmbH, Langenselbold, Germany) 测定样品的有机碳 (OC) 和全氮 (TN) 含量^[28];另一部分风干泥沙样品研磨过 $1\ \text{mm}$ (18 目) 筛,用 Olsen 法测定样品的速效磷 (Olsen-P) 含量^[29]。

1.5 数据分析方法

采用 SPSS (IBM SPSS Statistics 22.0) 软件对泥沙养分含量、各粒级质量百分比,以及真菌群落 α 多样性指数和相对丰度数据进行单因素方差分析

(ANOVA),当 F 检验显著时,再通过 Duncan 检验对泥沙不同粒级间、沟道不同空间位置间的数据均值进行比较 ($p < 0.05$)。基于 Bray-Curtis 算法的无度量多维标定 (NMDS, Non-Metric Multi-Dimensional Scaling) 对不同空间位置的悬移质泥沙真菌群落结构差异进行分析,并对差异的显著性做相似性分析 (ANOSIM)。使用 Origin (Pro 2018) 软件绘制真菌群落相对丰度图和功能类群相对丰度图。筛选平均相对丰度大于 0.1% 的属水平真菌构建共发生网络 (Co-occurrence Network),物种的相关性矩阵通过 R 语言 (4.1.0) 中的 vegan 包、Hmisc 包和 igraph 包运算,结合 Gephi (0.9.2) 软件绘制可视化网络图,并计算出真菌共发生网络的拓扑性质参数^[17]。运用 SPSS (IBM SPSS Statistics 22.0) 软件对悬移质泥沙真菌群落丰富度和多样性与悬移质泥沙养分含量和粒级组成之间的相关关系进行 Spearman 相关分析。

2 结果与分析

2.1 沟道悬移质泥沙理化性质的空间变化特征

沟道悬移质泥沙的理化性质在不同空间位置上存在显著差异 ($p < 0.05$) (表 1)。 $>63\ \mu\text{m}$ 粒级含量沿泥沙迁移方向逐渐下降,由沟头的 65.0% 降低到把口的 35.8%;与之相反, $<63\ \mu\text{m}$ 粒级含量逐渐上升,由沟头的 35.0% 升高到把口的 64.2%。对于未分级的悬移质泥沙,有机碳 (OC)、全氮 (TN) 和速效磷 (Olsen-P) 含量均沿泥沙迁移方向呈现先下降后上升的趋势,从沟头到把口,OC 含量由 $4.32\ \text{g/kg}$ 升高到 $13.93\ \text{g/kg}$,TN 含量由 $0.58\ \text{g/kg}$ 升高到 $1.44\ \text{g/kg}$,Olsen-P 含量由 $6.32\ \text{mg/kg}$ 升高到 $11.09\ \text{mg/kg}$ 。对于分级后的悬移质泥沙,其 OC、TN 和 Olsen-P 含量与未分级情况一致,均沿泥沙迁移方向呈现先下降后上升的趋势。但对于同一空间位置不同粒级的悬移质泥沙,OC、TN、Olsen-P 含量在整体上无显著差异 ($p < 0.05$)。

2.2 沟道悬移质泥沙真菌群落多样性

悬移质泥沙真菌群落的 α 多样性在沟道空间位置上差异显著 ($p < 0.05$) (表 2)。对于未分级的悬移质泥沙,与沟头相比,把口处 OTU 数和物种观测数分别降低 34.4% 和 37.5%,shannon 指数和 chao1 指数分别降低 23.2% 和 33.2%,均沿泥沙迁移方向呈现显著下降的趋势 ($p < 0.05$)。对于分级后的悬移质泥沙,从沟头到把口,其真菌群落的 OTU 数、物种观测数、shannon 指数和 chao1 指数均沿泥沙迁移方向呈现显著下降的趋势,且在 $<63\ \mu\text{m}$ 粒级中的表现更为明显。无度量多维标定 (NMDS) 与相似性分析

(ANOSIM)结果显示,沟头、上游、中游、下游和把口的悬移质泥沙的真菌群落结构存在显著差异(未分级: $R^2=0.89, p=0.001$; $>63\text{ }\mu\text{m}$: $R^2=0.87, p=0.001$; $<63\text{ }\mu\text{m}$: $R^2=0.95, p=0.001$)(图 1)。

表 1 沟道不同空间位置悬移质泥沙理化性质

测定项目	粒级	沟头	上游	中游	下游	把口
质量百分比/%	$>63\text{ }\mu\text{m}$	65.01±1.28Aa	64.23±1.73Aa	56.32±0.66Ba	45.25±1.17Cb	35.78±0.60Db
	$<63\text{ }\mu\text{m}$	34.99±1.28Db	35.77±1.73Db	43.68±0.66Cb	54.75±1.17Ba	64.22±0.60Aa
	未分级	4.32±0.16Ca	3.67±0.26Ca	3.86±0.15Ca	10.08±0.44Ba	13.93±0.29Ab
OC/(g·kg ⁻¹)	$>63\text{ }\mu\text{m}$	3.67±0.22Ca	3.65±0.21Ca	3.32±0.28Ca	9.40±0.29Ba	18.37±0.77Aa
	$<63\text{ }\mu\text{m}$	4.31±0.31Ca	4.24±0.40Ca	3.86±0.16Ca	7.40±0.07Bb	14.43±0.34Ab
	未分级	0.58±0.04Ca	0.44±0.02Da	0.38±0.03Da	0.94±0.03Ba	1.44±0.08Aa
TN/(g·kg ⁻¹)	$>63\text{ }\mu\text{m}$	0.46±0.03Cb	0.40±0.02Ca	0.35±0.02Ca	0.90±0.05Bab	1.58±0.08Aa
	$<63\text{ }\mu\text{m}$	0.54±0.03Cab	0.37±0.04Da	0.34±0.06Da	0.78±0.05Bb	1.37±0.04Aa
	未分级	6.32±0.16Ca	6.26±0.18Ca	5.74±0.16Ca	8.34±0.38Ba	11.09±0.40Aa
Olsen-P/(mg·kg ⁻¹)	$>63\text{ }\mu\text{m}$	5.91±0.13Ca	6.75±0.17Ba	5.44±0.22Ca	6.90±0.27Bb	10.10±0.47Aab
	$<63\text{ }\mu\text{m}$	6.19±0.25Da	6.85±0.30CDa	5.61±0.07Da	8.02±0.23Ba	9.50±0.52Ab

注:表中大写字母不同表示同一粒级不同空间位置上差异显著,小写字母不同表示同一空间位置不同粒级间差异显著($p<0.05$)。

表 2 沟道悬移质泥沙真菌群落 α 多样性

粒级	空间位置	OTU 数	物种观测数	shannon 指数	chao1 指数
未分级	沟头	2892±177a	2419±152a	7.55±0.31a	3286.9±232.0a
	上游	2680±46a	2197±47a	7.16±0.04ab	3195.5±83.7a
	中游	2071±252b	1697±193b	6.06±0.31c	2345.3±369.5b
	下游	2136±137b	1749±124b	6.43±0.29bc	2387.3±145.5b
	把口	1898±65b	1512±53b	5.80±0.33c	2197.1±75.5b
$>63\text{ }\mu\text{m}$	沟头	2575±202a	2149±187a	7.15±0.31a	3036.3±262.2a
	上游	2341±92ab	1901±86ab	6.49±0.13ab	2703.6±85.5ab
	中游	2174±123ab	1754±113ab	6.30±0.21b	2503.9±126.6b
	下游	2146±196ab	1750±162ab	6.69±0.26ab	2396.0±173.5b
	把口	2041±94b	1638±75b	5.96±0.26b	2333.5±120.5b
$<63\text{ }\mu\text{m}$	沟头	3037±122a	2547±106a	7.99±0.24a	3486.3±155.7a
	上游	2908±103a	2430±83a	7.82±0.08a	3357.4±134.6a
	中游	2445±77b	1995±68b	6.98±0.14b	2835.5±90.2b
	下游	2033±104c	1658±96c	6.68±0.24b	2267.1±130.7c
	把口	2083±62c	1663±53c	5.57±0.33c	2470.4±70.9c

注:表中小写字母不同表示同一粒级不同空间位置上差异显著($p<0.05$)。

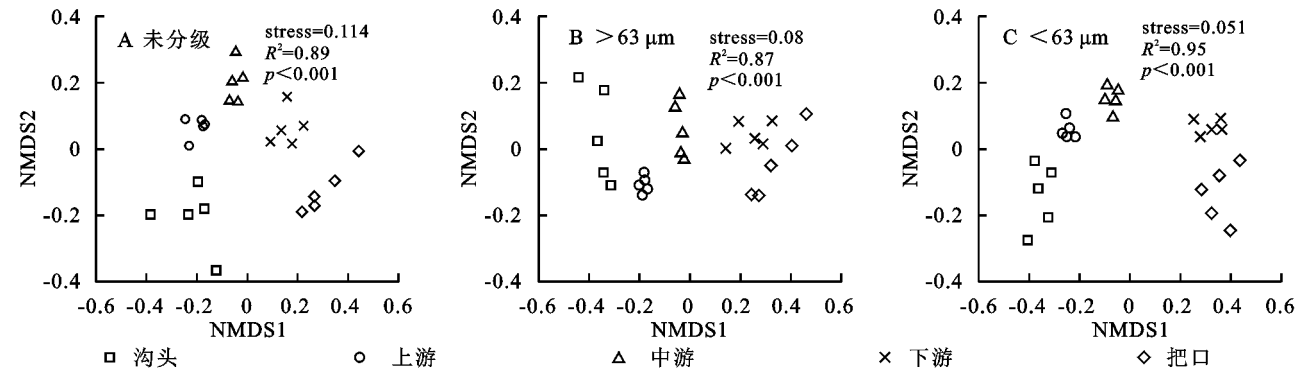


图 1 沟道悬移质泥沙真菌群落无量纲多维标定 (NMDS)

2.3 沟道悬移质泥沙真菌群落组成

空间位置上存在显著差异($p<0.05$)(图 2)。悬移质泥沙真菌群落中主要有三大优势菌门,分别为子囊

菌门 (Ascomycota, 平均相对丰度 31.8%)、担子菌门 (Basidiomycota, 平均相对丰度 15.9%) 和壶菌门 (Chytridiomycota, 平均相对丰度 13.9%), 三者相对丰度之和占总量的 60% 以上。对于未分级的悬移质泥沙, 从沟头到把口, 子囊菌门相对丰度降低 7.6%, 担子菌门相对丰度降低 6.9%。对于 $>63\ \mu\text{m}$ 和 $<63\ \mu\text{m}$ 粒级的悬移质泥沙, 从沟头到把口, 子囊菌门相对丰度分别降低 12.0% 和 16.4%, 原状悬移质泥沙与分级后泥沙的三大优势菌门相对丰度沿泥沙迁移方向的变化趋势基本一致。

沟道悬移质泥沙的真菌生态功能类群相对丰度在不同空间位置上存在显著差异 ($p < 0.05$) (图 3)。悬移质泥沙真菌中三大生态功能类群分别为腐生营养型真菌 (Saprotroph, 平均相对丰度 9.3%)、病原营养型真菌 (Pathotroph, 平均相对丰度 3.8%) 和共生营养型真菌 (Symbiotroph, 平均相对丰度 3.4%)。对于未分级的悬移质泥沙, 从沟头到把口, 腐生营养型真菌相对丰度降低 6.0%。对于分级后的悬移质泥沙, 真菌三大生态功能类群相对丰度沿泥沙迁移方向呈现下降趋势, 与 $>63\ \mu\text{m}$ 粒级相比, $<63\ \mu\text{m}$ 粒级悬移质泥沙中的病原营养型真菌和共生营养型真菌相对丰度在不同空间位置间的差异更为明显。

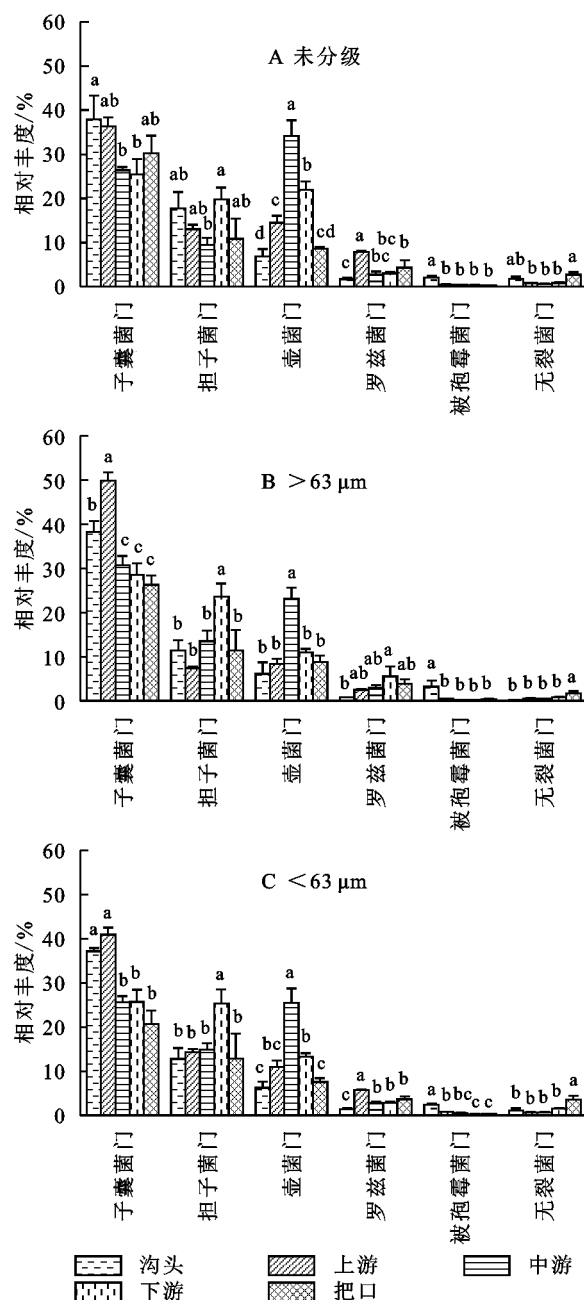
2.4 沟道悬移质泥沙真菌共发生网络及其拓扑性质

对于未分级的悬移质泥沙, 从沟头到把口, 真菌共发生网络图的复杂程度下降, 节点和联接数量分别减少 40.3% 和 38.9% (图 4, 表 3), 这表明真菌群落的种间关系逐渐简化, 养分转化效率下降, 群落稳定性和抵抗外界干扰的能力沿沟道减弱; 与沟头相比, 把口的网络平均路径长度从 1.75 增加到 2.10, 这表明物种之间传递有效信息的时间增长, 从而减缓群落对环境扰动的响应速度, 不利于维持真菌群落的长期稳定; 从沟头到把口, 正联接数的百分比逐渐上升, 这表明真菌群落的种间关系逐渐朝着以协同为主的趋势转变。对于 $>63\ \mu\text{m}$ 和 $<63\ \mu\text{m}$ 粒级的悬移质泥沙, 从沟头到把口, 其网络图的复杂程度均有所下降, 节点数量分别减少 11.8% 和 45.8%, 联接数量分别减少 31.2% 和 69.5%, 这表明对于悬移质泥沙中的不同粒级, 真菌群落稳定性和抗干扰能力也呈现出沿沟道减弱的趋势, 且在 $<63\ \mu\text{m}$ 粒级中更为明显。

2.5 沟道悬移质泥沙真菌群落与理化性质的关系

悬移质泥沙中颗粒组成和养分含量影响真菌群落 (表 4)。shannon 指数与 OC, TN 和 Olsen-P 含量呈显著负相关关系 ($p < 0.01$, $p < 0.05$), 与 $>63\ \mu\text{m}$

粒级含量呈显著正相关关系 ($p < 0.05$); 与之相似, chao1 指数与 OC, TN 和 Olsen-P 含量呈极显著负相关关系 ($p < 0.01$), 与 $>63\ \mu\text{m}$ 粒级含量呈极显著正相关关系 ($p < 0.01$)。子囊菌门和担子菌门相对丰度主要受到 OC 和 TN 含量的影响 ($p < 0.01$, $p < 0.05$); 壶菌门相对丰度与 TN 和 Olsen-P 含量呈显著负相关关系 ($p < 0.01$, $p < 0.05$)。被孢霉菌门 (Mortierellomycota) 相对丰度与 OC, TN 和 Olsen-P 含量呈显著负相关关系 ($p < 0.01$, $p < 0.05$), 与 $>63\ \mu\text{m}$ 粒级含量呈显著正相关关系 ($p < 0.05$); 而无裂菌门 (Aphelidiomycota) 相对丰度与 OC, TN 和 Olsen-P 含量呈极显著正相关关系 ($p < 0.01$)。



注: 小写字母不同表示同一真菌门类不同空间位置上差异显著 ($p < 0.05$)。

图2 沟道悬移质泥沙的门水平真菌相对丰度

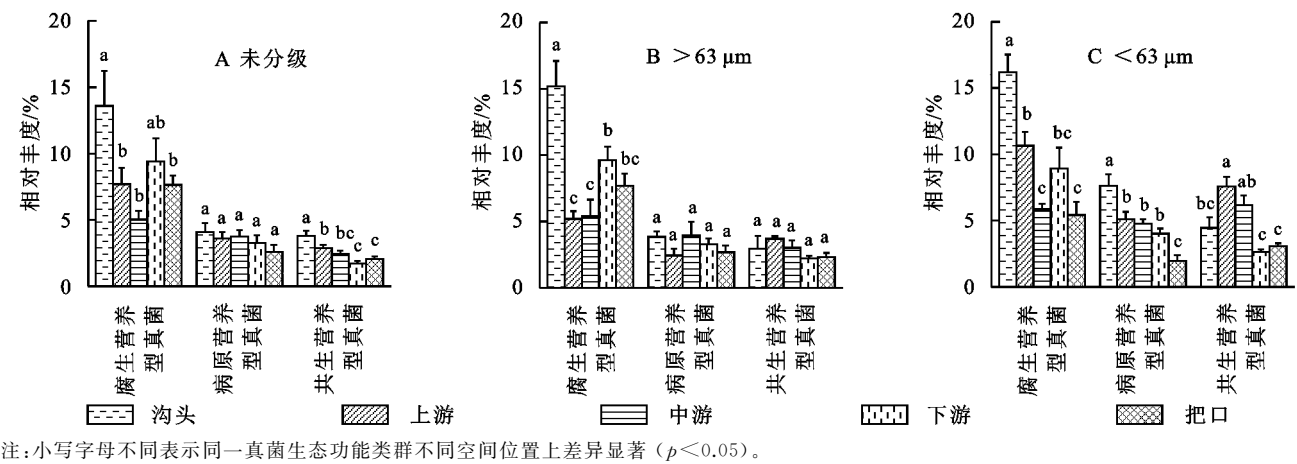


图 3 沟道悬移质泥沙的真菌生态功能类群相对丰度

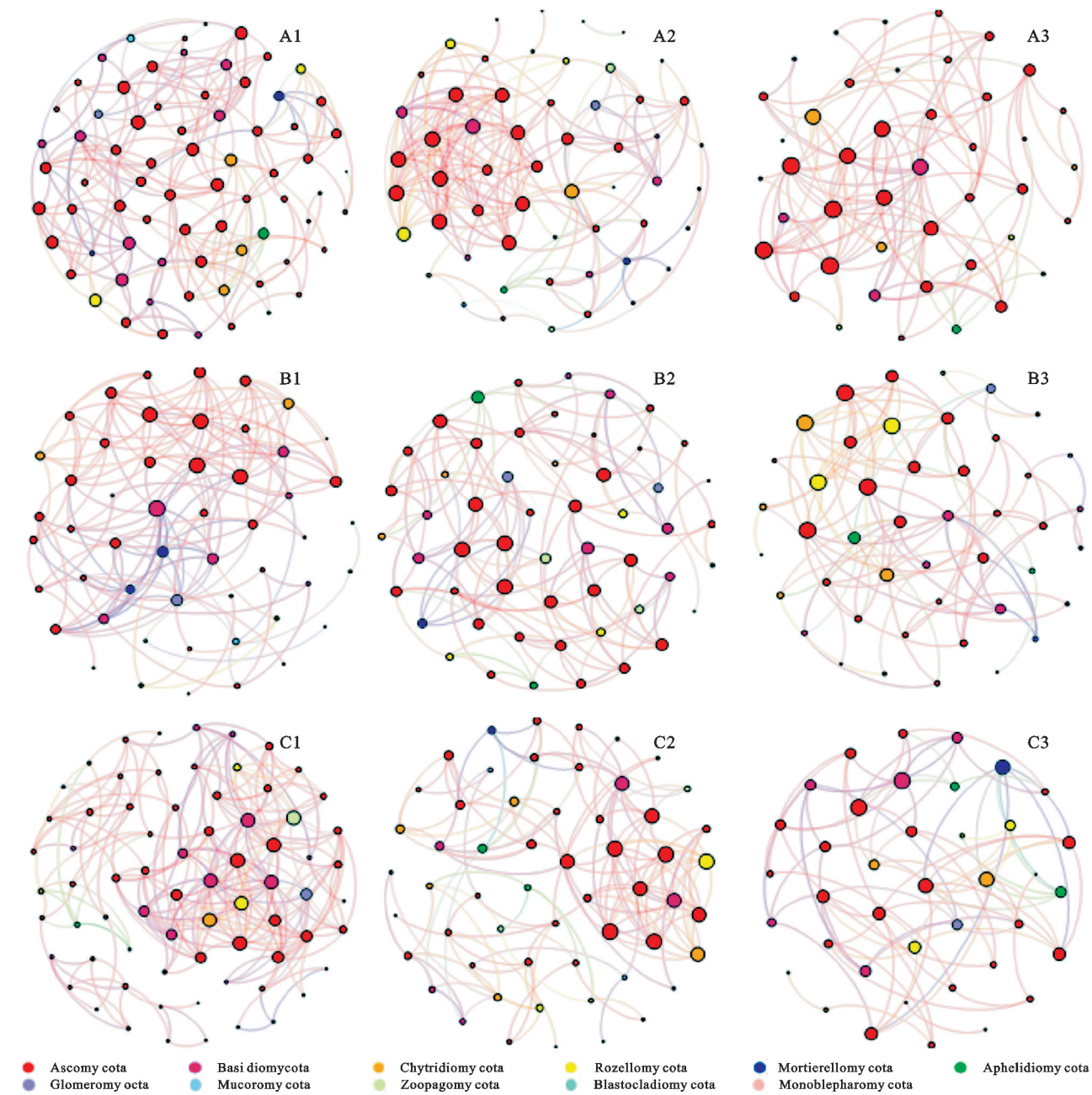


图 4 沟道悬移质泥沙真菌共发生网络

表 3 沟道悬移质泥沙真菌群落网络拓扑性质

粒级	空间位置	节点	联接数	正联接数	模块化	平均聚类系数	平均路径长度	网络直径	平均度	图密度
未分级	沟头	72	198	101(51%)	0.67	0.27	1.75	5	2.75	0.04
	下游	55	175	145(83%)	0.52	0.30	1.83	6	3.18	0.06
	把口	43	121	98(81%)	0.49	0.23	2.10	6	2.81	0.07
>63 μm	沟头	51	157	102(65%)	0.51	0.26	1.72	5	3.08	0.06
	下游	54	140	93(66%)	0.61	0.23	2.01	6	2.59	0.05
	把口	45	108	78(72%)	0.53	0.27	1.95	6	2.40	0.06
<63 μm	沟头	72	285	177(62%)	0.49	0.31	1.95	6	3.90	0.06
	下游	56	150	106(71%)	0.61	0.24	1.67	5	2.68	0.05
	把口	39	87	73(84%)	0.56	0.19	1.51	4	2.23	0.06

表 4 沟道悬移质泥沙真菌群落与理化性质的相关分析

真菌群落	OC/ (g · kg ⁻¹)	TN/ (g · kg ⁻¹)	Olsen-P/ (mg · kg ⁻¹)	>63 μm/ %
shannon 指数	-0.346 **	-0.304 *	-0.323 *	0.498 *
自由度	73	73	73	73
chao1 指数	-0.439 **	-0.358 **	-0.396 **	0.626 **
自由度	73	73	73	73
子囊菌门(Ascomycota)	-0.436 **	-0.392 **	-0.205	0.368
自由度	73	73	73	73
担子菌门(Basidiomycota)	0.299 *	0.281 *	0.187	0.184
自由度	73	73	73	73
壶菌门(Chytridiomycota)	-0.200	-0.351 **	-0.320 *	0.112
自由度	73	73	73	73
罗兹菌门(Rozellomycota)	0.134	0.047	0.244	-0.170
自由度	73	73	73	73
被孢霉菌门(Mortierellomycota)	-0.344 **	-0.298 *	-0.357 **	0.563 *
自由度	73	73	73	73
无裂菌门(Aphelidiomycota)	0.555 **	0.607 **	0.601 **	-0.298
自由度	73	73	73	73

注：* 表示相关性达到显著水平 ($p<0.05$), ** 表示相关性达到极显著水平 ($p<0.01$)。

3 讨论

泥沙颗粒是真菌的重要栖息地,真菌群落结构会随泥沙迁移分选发生相应变化^[7]。从沟头到把口,泥沙真菌群落结构在不同空间位置存在明显差异(图 1,表 2)。已有研究得到类似的结果,并将温度、水分、有机质、pH 值等环境因子变化归为主要原因^[30-32]。但是本研究中,粒级组成变化可能是影响真菌群落多样性和丰富度的重要因素(表 4)。真菌菌丝的平均直径为 3~8 μm,更适合在大颗粒泥沙中生存^[33]。因此,在>63 μm 粒级含量更高的沟道上游区域,真菌群落能保持较高水平的多样性和丰富度(表 2)。泥沙迁移过程中,因颗粒间的相互碰撞摩擦和水流的冲刷作用,大颗粒结构遭受破坏^[34],原本包裹于大颗粒中的真菌被暴露出来,受到紫外辐射而死亡^[35]。当泥沙迁移到沟道下游区域,真菌群落多样性和丰富度随着>63 μm 粒级含量的降低呈现较低水平(表 2)。

泥沙作为养分的载体,其迁移过程中的养分和粒级含量变化会影响真菌群落组成(图 2,图 3)。从沟头到把口,泥沙养分含量的明显升高(表 1)导致寡养型子囊菌门和担子菌门相对丰度降低^[36]。子囊菌门和担子菌门在腐殖物质分解方面发挥重要作用^[37],腐生营养型真菌通常具有较强的耐受性和物质分解能力^[38],可以在受到外力干扰的不良环境中维持生命活动^[39],然而当环境养分含量较高时,它便难以在竞争中凸显种群优势^[40],泥沙中 OC,TN 和 Olsen-P 含量从沟头到把口显著上升(表 1),这可能是造成腐生营养型真菌相对丰度降低的重要因素。但也有研究指出,泥沙碳氮含量上升会提高真菌群落丰度,促使真菌生长繁殖^[41-42],这与本研究中真菌群落组成与养分含量的关系并不相符,原因可能在于水分、氧气等环境条件,以及泥沙整体营养条件的不同,有待进一步研究比较。

真菌共发生网络复杂程度沿泥沙迁移方向逐渐下降(图 4),节点和联接数量减少,平均路径长度增

加,群落种间关系趋于简化,稳定性和抗干扰能力逐渐减弱(表3)。这可能与粒级组成和养分含量变化有关:(1)泥沙迁移过程引起的粒级组成变化阻碍了真菌群落种间关系的持续发生,从而降低群落整体养分转化效率^[43],并且随着小颗粒含量的增加(表1),泥沙整体的粒级组成便会趋于均一化,这将使得泥沙的结构、孔隙状况等因素逐渐相似,导致泥沙中的物质资源、真菌物种类型、真菌生存空间朝着单一化趋势发展,从而简化真菌群落的种间关系^[44-45];(2)泥沙迁移过程引起碳氮比升高(表1),碳的有效性下降,泥沙养分状况向贫瘠趋势发展,导致真菌群落种间关系总量减少,养分转化效率下降。此外,环境条件、物质资源的不稳定会促使真菌摄取营养物质,养分贫瘠的环境可能促进真菌的种间关系从拮抗向协同转变^[46-47],这与本研究中正联接数的百分比沿泥沙迁移方向逐渐上升的结果相符(表3)。

4 结论

(1)从沟头到把口,悬移质泥沙真菌群落多样性和丰富度显著下降($p < 0.05$);门水平上,子囊菌门和担子菌门相对丰度降低7.6%和6.9%;生态功能类群上,腐生营养型真菌相对丰度降低6.0%。

(2)沿泥沙迁移方向,真菌共发生网络复杂程度下降,真菌群落种间关系趋于简化,且朝着以协同为主的发展趋势,群落稳定性和抗干扰能力逐渐减弱。

(3)泥沙真菌群落与理化性质之间存在相关关系,悬移质泥沙中的粒级组成和碳氮磷含量是影响真菌群落结构的重要因素。

致谢:感谢陕西长武农田生态系统国家野外科学观测研究站对本研究的支持。

参考文献:

- [1] Stallard R F. Terrestrial sedimentation and the carbon cycle: Coupling weathering and erosion to carbon burial[J]. *Global Biogeochemical Cycles*, 1998,12(2):231-257.
- [2] Lal R. Soil erosion and the global carbon budget[J]. *Environment International*, 2003,29(4):437-450.
- [3] Van Oost K, Quine T A, Govers G, et al. The impact of agricultural soil erosion on the global carbon cycle[J]. *Science*, 2007,318(5850):626-629.
- [4] 王光谦,钟德钰,吴保生.黄河泥沙未来变化趋势[J]. *中国水利*, 2020,1(1):9-12.
- [5] 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):1-8.
- [6] Starr G C, Lal R, Malone R, et al. Modeling soil carbon transported by water erosion processes[J]. *Land Degradation and Development*, 2000,11(1):83-91.
- [7] Väisänen R K, Roberts M S, Garland J L, et al. Physiological and molecular characterisation of microbial communities associated with different water-stable aggregate size classes[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005,37(11):2007-2016.
- [8] Smith S V, Renwick W H, Buddemeier R W, et al. Budgets of soil erosion and deposition for sediments and sedimentary organic carbon across the conterminous United States[J]. *Global Biogeochemical Cycles*, 2001,15(3):697-707.
- [9] 夏星辉,王君峰,张翎,等.黄河泥沙对氮迁移转化的影响及环境效应[J]. *水利学报*, 2020,51(9):1138-1148.
- [10] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive earth's biogeochemical cycles[J]. *Science*, 2008,320(5879):1034-1039.
- [11] Rodriguez R J, White J J, Arnold A E, et al. Fungal endophytes: diversity and functional roles[J]. *New Phytol*, 2009,182(2):314-330.
- [12] Wang H, He Z, Lu Z, et al. Genetic linkage of soil carbon pools and microbial functions in subtropical freshwater wetlands in response to experimental warming[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2012,78(21):7652-7661.
- [13] Hanson C A, Allison S D, Bradford M A, et al. Fungal Taxa Target Different Carbon Sources in Forest Soil[J]. *Ecosystems*, 2008,11(7):1157-1167.
- [14] Fierer N, Ladau J, Clemente J C, et al. Reconstructing the microbial diversity and function of pre-agricultural tallgrass prairie soils in the United States[J]. *Science*, 2013,342(6158):621-624.
- [15] Kong A Y Y, Scow K M, Córdova-Kreylos A L, et al. Microbial community composition and carbon cycling within soil microenvironments of conventional, low-input, and organic cropping systems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011,43(1):20-30.
- [16] Don A, Böhme I H, Dohrmann A B, et al. Microbial community composition affects soil organic carbon turnover in mineral soils[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2017,53(4):445-456.
- [17] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, et al. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities[J]. *The ISME Journal*, 2012,6(2):343-351.
- [18] Wang Z, Govers G, Steegen A, et al. Catchment-scale carbon redistribution and delivery by water erosion in an intensively cultivated area[J]. *Geomorphology*, 2010,124(1/2):65-74.
- [19] Kaisermann A, Maron P A, Beaumelle L, et al. Fungal communities are more sensitive indicators to non-extreme soil moisture variations than bacterial communities[J]. *Applied Soil Ecology*, 2015,86:158-164.
- [20] Six J, Bossuyt H, Degryze S, et al. A history of research on the link between(micro)aggregates, soil biota, and

- soil organic matter dynamics[J]. *Soil and Tillage Research*, 2004,79(1):7-31.
- [21] Sun Q, Hu Y, Wang R, 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] 郭胜利,姬洪飞,郝明德,等.黄土高原沟壑区综合治理试验示范成果评述与高质量发展研究展望:以陕西省长武县王东沟小流域 30 a 多治理实践为例[J].*水土保持通报*, 2020,40(1):318-324.
- [23] 胡亚鲜, Nikolaus J. Kuhn. 利用土壤颗粒的沉降粒级研究泥沙的迁移与分布规律[J]. *土壤学报*, 2017, 54(5):1115-1124.
- [24] Hu Y, Fister W, Ruegg H R, et al. The use of equivalent quartz size and settling tube apparatus to fractionate soil aggregates by settling velocity [J]. *Geomorphological Techniques*, 2013(1):1-9.
- [25] Bellemain E, Carlsen T, Brochmann C, et al. ITS as an environmental DNA barcode for fungi: an in silico approach reveals potential PCR biases[J]. *Bmc Microbiology*, 2010,10(1):1-9.
- [26] Knight R, Caporaso J G, Kuczynski J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010,7(5):335-336.
- [27] Nguyen N H, Song Z, Bates S T, et al. FUNGuild: An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild[J]. *Fungal Ecology*, 2016, 20:241-248.
- [28] 王巧环,任玉芬,孟龄,等.元素分析仪同时测定土壤中全氮和有机碳[J].*分析试验室*, 2013,32(10):41-45.
- [29] Olsen S R. Estimation of available phosphorus in soils by extraction with sodium bicarbonate [M]. United States Department of Agriculture, Washington, 1954.
- [30] Anderson I C, Cairney J W G. Diversity and ecology of soil fungal communities: increased understanding through the application of molecular techniques [J]. *Environmental Microbiology*, 2004,6(8):769-779.
- [31] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. *the Isme Journal*, 2010,4(10):1340-1351.
- [32] Kim Y, Gao C, Zheng Y, et al. Arbuscular mycorrhizal fungal community response to warming and nitrogen addition in a semiarid steppe ecosystem[J]. *Mycorrhiza*, 2015,25(4):267-276.
- [33] Six J, Frey S D, Thiet R K, et al. Bacterial and Fungal Contributions to Carbon Sequestration in Agroecosystems[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2006,70(2):555-569.
- [34] Mabuhay J A, Nakagoshi N, Isagi Y. Influence of erosion on soil microbial biomass, abundance and community diversity[J]. *Land Degradation & Development*, 2004,15(2):183-195.
- [35] Huang J, Li Z, Zeng G, et al. Microbial responses to simulated water erosion in relation to organic carbon dynamics on a hilly cropland in subtropical China[J]. *Ecological Engineering*, 2013,60:67-75.
- [36] Trivedi P, Rochester I J, Trivedi C, et al. Soil aggregate size mediates the impacts of cropping regimes on soil carbon and microbial communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015,91:169-181.
- [37] Baldrian P, Kolařík M, Stursová 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(2):248-258.
- [38] Xiong J, Peng F, Sun H, et al. Divergent responses of soil fungi functional groups to short-term warming[J]. *Microbial Ecology*, 2014,68(4):708-715.
- [39] Wang R, Dorodnikov M, Yang S, et al. Responses of enzymatic activities within soil aggregates to 9-year nitrogen and water addition in a semi-arid grassland[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015,81:159-167.
- [40] Fontaine S, Mariotti A, Abbadie L. The priming effect of organic matter: a question of microbial competition? [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003,35(6):837-843.
- [41] Liu J, Sui Y, Yu Z, et al. Soil carbon content drives the biogeographical distribution of fungal communities in the black soil zone of northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015,83:29-39.
- [42] Glassman S I, Wang I J, Bruns T D. Environmental filtering by pH and soil nutrients drives community assembly in fungi at fine spatial scales[J]. *Molecular Ecology*, 2017,26(24):6960-6973.
- [43] Du L, Guo S, Gao X, et al. Divergent responses of soil fungal communities to soil erosion and deposition as evidenced in topsoil and subsoil[J]. *Science of the Total Environment*, 2021,755:142616.
- [44] Bach E M, Williams R J, Hargreaves S K, et al. Greatest soil microbial diversity found in micro-habitats[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018,118:217-226.
- [45] Tong L, Zhu L, Lv Y, et al. Response of organic carbon fractions and microbial community composition of soil aggregates to long-term fertilizations in an intensive greenhouse system[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2020,20(2):641-652.
- [46] Zhang N, Wan S, Guo J, et al. Precipitation modifies the effects of warming and nitrogen addition on soil microbial communities in northern Chinese grasslands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015,89:12-23.
- [47] Ding J, Zhang Y, Wang M, et al. Soil organic matter quantity and quality shape microbial community compositions of subtropical broadleaved forests[J]. *Molecular Ecology*, 2015,24(20):5175-5185.