

文章编号:1000-2367(2021)06-0047-08

DOI:10.16366/j.cnki.1000-2367.2021.06.007

草地生态系统微生物群落对季节性水淹的响应

刘啸林^{1a,2}, 闫鑫宇^{1a}, 刘珂彤^{1a}, 刘银占^{1a}, 赵灿灿^{1a}, 韩士杰^{1a}, 王松廷^{1a}, 刘梦舟^{1b}

(1.河南大学 a.生命科学学院;b.地理与环境学院,河南 开封 475004;

2.华东师范大学 生态与环境科学学院,上海 200241)

摘要:为阐明季节性水淹对微生物群落结构及特征的影响,通过模拟长期季节性水淹实验,设置冬季水淹、全年水淹和非水淹 3 个处理,利用高通量测序技术对土壤细菌和真菌进行测序,并结合生物信息学分析土壤微生物群落组成对水淹的响应.结果表明,经过长期水淹处理下的优势细菌类群为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门;优势真菌类群为子囊菌门和毛霉亚门.水淹处理下独享的细菌和真菌 OTU 数量均高于非水淹处理.全年水淹和冬季水淹处理下的真菌和细菌群落结构较非水淹处理具有显著性差异.水淹条件下,土壤湿度和土壤 pH 分别是调控细菌和真菌群落的最佳环境因子.季节性水淹可以通过调控土壤理化性质进而改变草地生态系统微生物群落组成和结构,且土壤细菌对季节性水淹的敏感程度高于真菌.

关键词:草地生态系统;降水改变;微生物群落;高通量测序

中图分类号:Q145

文献标志码:A

土壤微生物是土壤环境及植被变化的指示因子^[1],其多样性和群落结构的改变可以反映土壤以及生态系统功能的变化^[2-5],在维持陆地生态系统功能和生物多样性中扮演了重要的角色.土壤水分是影响微生物活性与生态系统功能的重要因素之一,其含量对草地生态系统微生物群落具有重要影响^[6-7].全球水循环的变化预计将增强降水的年际和年内变异,特别是降水的季节性分布,将从不同组织层次对草地生态系统微生物群落产生影响^[8-10].

降水变化引起的土壤水分波动直接改变了土壤微生物活性与群落结构,进而对微生物介导的关键过程与土壤生态系统功能造成深刻影响^[6].ZHAO 等^[11]研究发现,增加降水,真菌与细菌比例相应增加,微生物量与降水量的年际变化呈正相关.增加降水量有利于增强微生物活性并较快地利用底物,改变真菌与细菌比例.EVANS 等^[12]发现细菌在土壤环境中的移动和获取营养物质的过程需要依赖于土壤中水膜的流动,因而与真菌相比,水分条件的变化对细菌的影响更大.真菌比细菌对水分胁迫的耐受性更强.土壤真菌通过对菌丝水分的重新分配利用^[13]和菌丝在土壤孔隙内的生长来获取营养物质^[14],以此补偿水分胁迫带来的生理压力.由此可见,各类微生物对水分条件变化的响应不同,并且在同一门内的不同属或种的响应也存在差异^[6].在最近的关于全球表层土壤微生物群落结构和功能的研究中发现,年均降水量显著影响土壤功能多样性,这正是源于真菌和细菌对水分压力不同的耐受性,而造成的全球表层土壤微生物的生态位分化^[15].这种在水分选择下的微生物生态策略,对预测未来水分条件变化下的土壤微生物群落响应具有重要意义.目前,关于季节性水淹的改变对陆地生态系统,特别是土壤微生物群落结构的影响的报道较少.通过设计长期的冬季淹水和全年淹水控制实验,以期阐明土壤微生物群落结构对季节性水淹的响应机制提供数据支撑.

收稿日期:2021-06-22;**修回日期:**2021-09-03.

基金项目:国家自然科学基金(41930643);河南省重大公益项目(201300311300);河南省科技攻关项目(192102110085);中国博士后科学基金(2018M642738;2018M642739).

作者简介:刘啸林(1998-),男,河南永城人,华东师范大学硕士研究生,研究方向为植物生态学,E-mail:liu2768669@163.com.

通信作者:王松廷,E-mail:861918657@qq.com;刘梦舟,E-mail:mengzhou2007@163.com

1 材料与方法

1.1 研究地点

实验地位于河南省开封市河南大学金明实验农场(34°49′16.84″N, 114°17′56.76″E)。该地区属于温带大陆性季风气候,冬季寒冷干燥,夏季高温多雨,年均气温为 14.5 °C,年均降雨量为 627.5 mm。该区域属于旱涝敏感区,冬季降水呈周期震荡,新世纪初冬季降水略有增加而很快又有减少的趋势^[16]。该地区优势植物主要是狗尾草(*Setaria viridis*)、马唐(*Digitaria sanguinalis*)、三叶草(*Trifolium pratense*)、莎草(*Cyperus rotundus*)、白蜡(*Fraxinus chinensis*)、稗(*Echinochloa crusgalli*)。

1.2 实验设计

本实验场地为河南大学实验农场的弃耕草地,设计非生长季与全年水淹的控制实验,自 2006 年起采用完全随机设计,共包括对照、冬季水淹和全年水淹(水淹深度 2.0 cm、水淹频率每周一次)3 种处理,每种处理设置 5 个重复,共计 15 个样地,实验处理从 2006 年至 2020 年。每块样地之间至少间隔 3 m,样地的面积为 2 m×2 m。

1.3 土壤理化性质的测量

用 LI-8100 土壤 CO₂ 通量全自动测量系统配套的土壤温湿度传感器测定土壤 10 cm 深处温度和 5 cm 深处体积含水量,测定频率为每周 1 次,测定时间为上午,测定周期持续 3 个月。以去除 CO₂ 的纯水为浸提剂,水土比为 2.5 : 1,震荡后取上清液采用酸度计测定土壤 pH 值。将 0~10 cm 的土壤样品混匀过筛后,采用人工分离法去除植物细根与石块,用于土壤理化性质测定。用半常量元素分析仪(Vario macro cube,德国艾力蒙塔公司)测定土壤全碳、全氮质量分数,用全自动化学分析仪测定土壤铵态氮、硝态氮质量分数。

1.4 土壤样品的采集与 DNA 提取

土壤样品采集使用直径 7 cm 的土钻,取 3 钻混合成 1 个样品,取样深度为 10 cm,取样时间为 2019 年 8 月 24 日。对各种不同来源的土壤样品,使用 MOBIO Power Soil Extraction Kit 根据说明从 0.5 g 新鲜土壤样品(-80 °C 保存)中提取土壤微生物总 DNA。将提取的 DNA 稀释于 DES 缓冲液(DNA Elution Solution-Ultra Pure Water)中,-80 °C 保存,之后送至上海派森诺生物科技公司对土壤微生物进行高通量测序分析。

1.5 Illumina MiSeq 测序

从每个样品中提取的 DNA 用作模板,选择细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区并用引物 CS1-34Fh(5′-ACACTGACGACATGGTTCATCACCTAYGGGDBGCWSCAG-3′)和 CS2-806RV2(5′-TACGGTAG-CAGAGACTTGGTCTGGACTACNVGGGTHCT-3′),真菌 ITS1 高变区并用引物 ITS5F(5′-GGAAG-TAAAAGTCGTAACAAGG-3′)和 ITS1R(5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′)进行 PCR 扩增^[17]。将每个样品独特的 Barcode 序列添加到引物中,以区分样品来源。PCR 反应体系(25 μL): 2×Taq Plus Master Mix 12.5 μL,正、反向引物(5 μmol/L)各 1 μL,BSA(牛血清白蛋白)3 μL,模板 DNA 30 ng,双蒸水补足 25 μL。PCR 条件:94 °C 5 min;94 °C 30 s;55 °C 30 s;72 °C 60 s,30 个循环;72 °C 7 min。PCR 产物纯化后用 Illumina MiSeq 平台进行末端测序分析(2×300 bp)。

1.6 测序数据分析和统计分析

经过对原始下机数据进行初筛,问题样本重测、补测后,通过质量初筛的原始序列按照 index 和 Barcode 信息,进行文库和样本划分,并去除 Barcode 序列。采用 QIIME(V1.7.0, http://qiime.org/scripts/split_libraries_fastq.htm)对原始数据(raw data)进行处理^[18]。采用 Trimmomatic 软件进一步去掉低质量序列。设置具体要求为:序列长度小于 200 bp,碱基质量值(Q)小于 30,含有模糊碱基,引物碱基中有大于一个的错配,以及无法被 Barcode 识别的序列。采用 Fast Length Adjustment of Short Reads(FLASH)(V1.2.10)软件把成对的 Reads 通过其 Overlap 拼接到一条序列,拼接的错误匹配率为 0.1。用 UCHIME 软件基于“RDP Gold”数据库检测和去除嵌合体序列。采用 USEARCH 软件对基于 97%相似性水平进行非重复序列的操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类,得到 OTU 的代表序列。对 OTU 代表序列进行分类学分析,并采用 SILVA 数据库(<http://www.arb-silva.de>)和 UNITE 数据库(<https://unite.ut.ee/analysis.php>)

对得到的 OTU 进行注释形成各样本 OTU 聚类信息统计结果。

所有统计方法采用 SAS V.9.2(SAS Institute,Cary,North Carolina,USA),单因素方差分析多重比较各项指标的差异,分析在不同处理下微生物门类纲类属类的差异与联系,基于 QIIME2(2019.4)计算样品 Chao1、Shannon、Simpson 等指数,以及文库覆盖率(Coverage)和系统发育距离,R 语言程序(2.15.3 版)绘制韦恩图,并且采用 Adonis 方法对不同处理下土壤细菌真菌群落结构相似性进行分析,使用 R 软件中 Vegan 数据包实现。

2 结 果

2.1 季节性水淹对细菌和真菌 OTU 分析

细菌:从 3 个采样点的测序数据中共有个 28 062 个 OTUs,分布于 32 个门的 114 个纲(图 1(a)).在 3 个取样点中,对照组的 OTU 为 40.13%,冬季水淹处理下的 OTU 为 43.27%,全年水淹处理下的 OTU 为 48.78%,共同 OTU 为 8.99%,其中冬季水淹和全年水淹处理下的细菌群落相似性最高,为 14.68%;其次为全年水淹处理下的细菌群落和对照组的相似度较高,为 13.69%;冬季水淹处理下的细菌群落和对照组相似度较低,为 12.79%。从 OTU 数量来看,对照组的 OTU 数量最少,冬季水淹处理下的 OTU 数量次之,全年水淹处理下的 OTU 数量最多。

真菌:从 3 个采样点的测序数据中共有个 5 952 个 OTUs,分布于 6 个门的 9 个纲(图 1(b)).在 3 个取样点中,对照组的 OTU 为 33%,冬季水淹处理下的 OTU 为 42.58%,全年水淹处理下的 OTU 为 52.62%,共同 OTU 为 6.72%,其中冬季水淹和全年水淹处理下的真菌群落相似性最高,为 13.89%;其次为全年水淹处理下的真菌群落和对照组的相似度较高,为 10.68%;冬季水淹处理下的真菌群落和对照组相似度较低,为 10.36%。从 OTU 数量来看,对照组的 OTU 数量最少,冬季水淹处理下的 OTU 数量次之,全年水淹处理下的 OTU 数量最多。总的来看,水淹处理下独享的细菌和真菌 OTU 数量均高于对照处理。

2.2 季节性水淹对细菌和真菌 α 多样性指数的影响

结合 Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数和 Pieloue 指数来看对照、冬季水淹和全年水淹处理下的细菌和真菌的物种多样性均没有差异(表 1)。

表 1 土壤细菌与真菌 α 多样性指数统计

Tab. 1 Soil bacterial and fungal α diversity indexes of different samples

Sample	Chao1 index	Simpson index	Shannon index	Pieloue index	Coverage	OTUs
C(B)	3 260.33±236.58a	0.99±0.007 2a	10.22±0.428 5a	0.87±0.029 5a	0.99±0.000 7a	11 260
W(B)	3 627.18±133.39a	0.99±0.000 6a	10.74±0.091 5a	0.91±0.005 1a	0.99±0.000 9a	12 141
A(B)	3 787.03±110.53a	0.99±0.000 2a	10.87±0.056 3a	0.91±0.003 9a	0.99±0.000 7a	13 686
C(F)	411.37±55.31a	0.87±0.08a	5.65±0.76a	0.65±0.08a	0.99±0.000 8a	1 532
W(F)	581.36±51.58a	0.98±0.002a	6.96±0.17a	0.76±0.009a	0.99±0.000 1a	1 977
A(F)	657.56±13.96a	0.97±0.016a	7.07±0.29a	0.76±0.03a	0.99±0.000 1a	2 443

注:1.C.对照,W.冬季水淹,A.全年水淹,B.细菌,F.真菌;

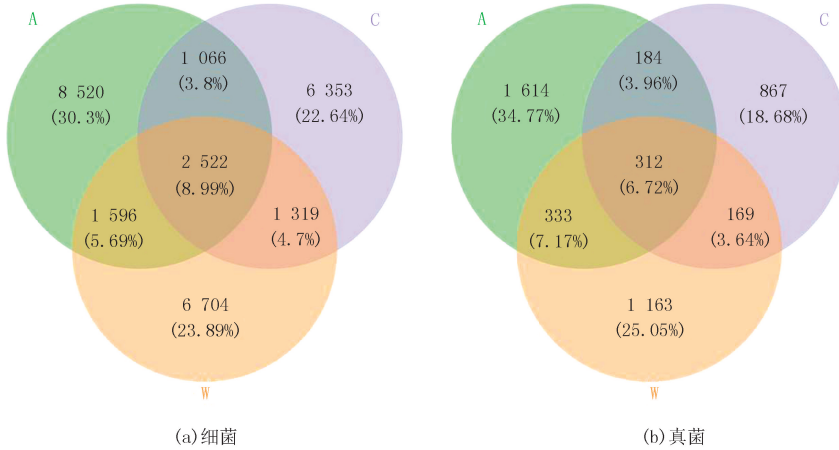
2.同行不同小写字母表示不同条件下细菌群落差异显著($P < 0.05$);下表同。

2.3 不同季节性水淹土壤中微生物群落门水平相对丰度分析

细菌和真菌群落在门水平上的物种组成如图 2 和图 3 所示。各处理中土壤优势细菌门(相对丰度大于 10%)为变形菌门(Proteobacteria)(平均相对丰度为 35.56%)、放线菌门(Actinobacteria)(19.45%)、酸杆菌门(Acidobacteria)(12.25%),这 4 个门占总序列数的 67.26%,其次为拟杆菌门(Bacteroidetes)(3.55%)、绿弯菌门(Chloroflexi)(2.55%)、Rokubacteria(1.29%)、厚壁菌门(Firmicutes)(1.01%)等菌门。土壤优势真菌门(相对丰度大于 10%)为子囊菌门(Ascomycota)(平均相对丰度为 55.40%),毛霉亚门(Mucoromycota)

(15.14%),这 2 个门占总序列数的 70.54%,其次为担子菌门(Basidiomycota)(3.18%)等菌门.

通过对细菌门水平相对丰度的显著性分析(表 2),可以得出,相比于对照组,在长期冬季水淹下放线菌门,晚期细菌门(Latescibacteria),变形菌门,Dependentiae 均具有显著性差异($P < 0.05$),在长期全年水淹下浮霉菌门(Planctomycetes)具有显著性差异($P < 0.05$).Dependentiae 在长期冬季水淹和长期全年水淹间具有显著性差异($P < 0.05$).而真菌门水平间相对丰度则无显著性差异.



C:对照;W:冬季水淹;A:全年水淹. 总的来看,水淹处理下独享的细菌和真菌OTUs数量均高于对照处理.

图1 不同水淹处理的OTU韦恩图(细菌和真菌)

Fig.1 Venn diagram representing the distribution of OTUs in soil bacteria and fungi in different samples

表 2 细菌门水平相对丰度

Tab. 2 Relative abundance at bacterial phylum level

Phylum	Actinobacteria	Latescibacteria	Proteobacteria	Dependentiae	Planctomycetes
C	0.219 7±0.036 18a	0.002 4±0.001 55b	0.318 6±0.068 01b	0.000 2±0.000 06b	0.004 1±0.003b
W	0.162 9±0.026 33b	0.008 9±0.004 16a	0.394 7±0.050 04a	0.000 7±0.000 35a	0.006 3±0.000 61ab
A	0.200 9±0.045 57ab	0.006±0.004 39ab	0.353 6±0.023 24ab	0.000 5±0.000 24b	0.007 2±0.001 92a

注:1.C:对照;W:冬季水淹;A:全年水淹.2.该表仅列出了具有显著性差异的细菌群落($P < 0.05$).

2.4 不同季节性水淹土壤中微生物属水平 LEfSe 差异分析

为了找出对不同水淹处理产生显著性差异影响的物种类群,进行了 LEfSe 分析(LDA 临界值为 2).LDA 值越高说明该分类单元的差异越显著,即该菌群对组间差异性贡献越大.可以得出细菌菌属 *Actinobacteria*, *Thermoleophilia*,真菌菌属 *Pichiaceae*, *Pichia* 等更适宜在长期非水淹条件下生存,细菌菌属 *Deltaproteobacteria*, *Latescibacteria*, *Subgroup_17*,真菌菌属 *Sordariales*, *Glomerellales*, *Plectosphaerellaceae* 等更适宜在长期冬季水淹下生存,细菌菌属 *Chloroflexia*, *Chloroflexales*, *Acidimicrobiia*,真菌菌属 *Cystofilobasidiales*, *Mrakiaceae*, *Tausonia* 等更适宜在长期全年水淹下生存.

2.5 细菌和真菌群落的主成分分析

采用了主成分分析法(Principal component analysis,PCA)和 Adonis 分析法研究了不同采样点的细菌和真菌群落结构差异(图 4,表 3).从图中可以看出,除全年水淹处理下的细菌群落与对照组重合外,在两种水淹条件处理间的重合部分和冬季水淹处理下的细菌群落与对照组重合部分较少,说明本次采集样本中来自冬季水淹处理下的细菌群落组成有差异,并且在两种水淹处理间的细菌群落也存在差异.而在两种水淹条件处理下的真菌群落无明显差异,但是在两种处理间真菌群落差异较大.对于细菌群落两个主成分贡献率分别为 70.1%和 10.6%.对于真菌群落两个主成分贡献率分别为 67.8%和 16.2%.Adonis 的结果表明,相比于对照组,全年水淹处理下的真菌和细菌群落具有显著性差异,冬季水淹处理下的真菌和细菌群落具有极显著性差异.然而在冬季水淹和全年水淹处理之间,只有细菌群落具有极显著性差异,真菌群落具有显著性差异.

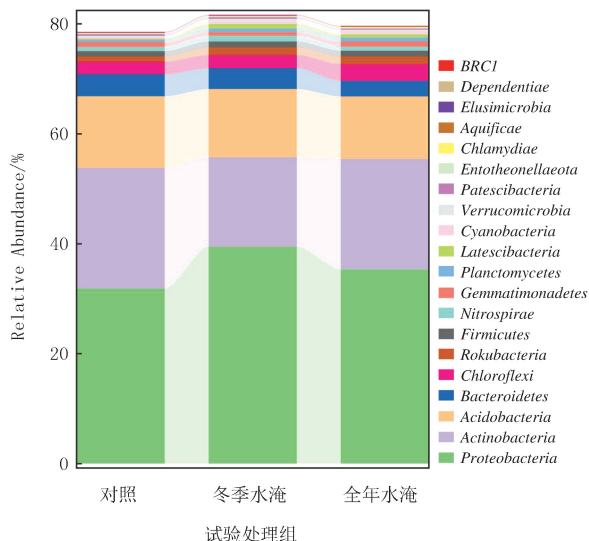


图2 不同采样点细菌的相对丰度(门)

Fig.2 Relative abundance of soil bacteria under different samples (phylum)

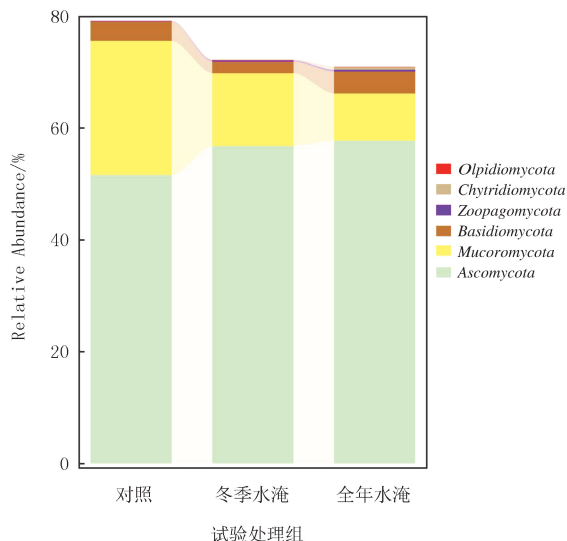


图3 不同采样点真菌的相对丰度(门)

Fig.3 Relative abundance of soil fungi under different samples (phylum)

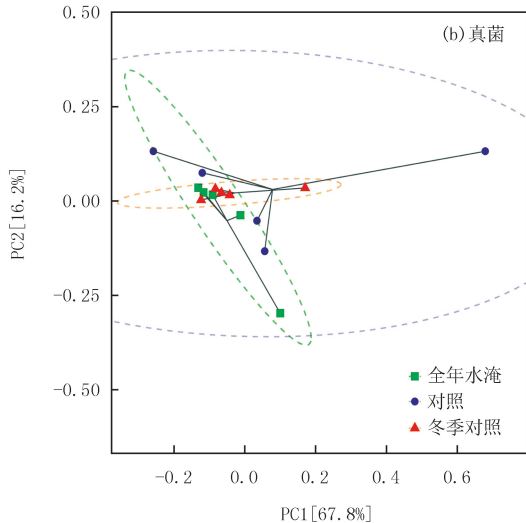
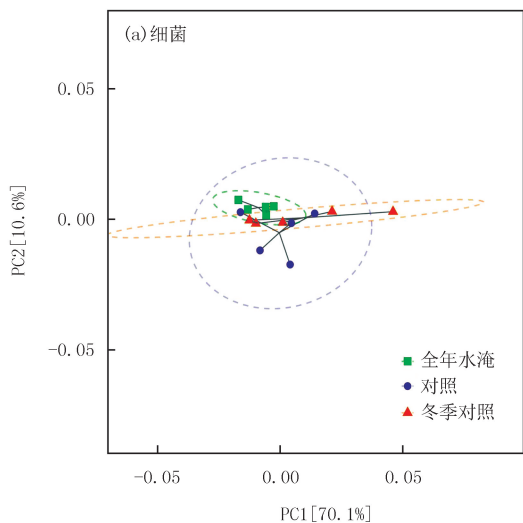


图4 细菌和真菌群落PCA分析

Fig.4 PCA analysis on bacterial and fungal community

表 3 细菌和真菌群落 Adonis 分析

Tab. 3 Adonis analysis on bacterial and fungal community

ADONIS	A vs. C(B)	A vs. W(B)	C vs. W(B)	A vs. C (F)	A vs. W (F)	C vs. W (F)
r	3.522	4.01	4.303	3.517	3.072	4.303
p	0.006 **	0.001 ***	0.001 ***	0.006 **	0.014 *	0.001 ***

注:1.* $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$. 2.C.对照, W.冬季水淹, A.全年水淹, B.细菌, F.真菌.

2.6 季节性水淹下土壤细菌和真菌群落与土壤理化性质的冗余分析

将土壤理化性质分别与 OTU 水平下细菌和真菌的群落组成关系进行冗余分析(Redundancy analysis, RDA),结果如图 5 所示.RDA 一轴和二轴,分别解释了细菌群落变异的 30.34%和 18.42%,以及真菌群落变异的 33.28%和 15.15%.在长期冬季水淹处理下的土壤细菌群落与土壤湿度的相关性较大,相比于长期全年水淹处理,土壤湿度对长期冬季水淹处理下的土壤样本影响更大.在长期全年水淹处理下土壤真菌群落与土

壤 pH 的相关性较大,相比于长期冬季水淹处理,土壤 pH 对长期全年水淹处理下的土壤样本影响更大。

3 讨论

3.1 两种水淹方式对土壤细菌群落结构的影响

细菌的比例在土壤微生物中占 70%~90%,是土壤微生物中数量最多的类群,也是土壤微生物的重要组成部分^[11]。研究发现,3种处理下土壤细菌的放线菌门、变形菌门、酸杆菌门均是优势类群(图2)。这与金紫薇等^[19]研究结果一致,变形菌门和酸杆菌门几乎是所有陆地生态系统中主要的细菌类群^[20]。在全年水淹处理下的土壤细菌特有的 OTU 的数量占 30.3%,冬季水淹处理下的土壤细菌特有的 OTU 的数量占 23.89%,而对照组土壤细菌特有的 OTU 数量占 22.64%(图1); α -多样性指数在各个水淹处理下均没有差异,冬季水淹处理下的细菌群落相对丰富度最高,这与之前的人工湿地下游菌落组成的均匀度和丰富度最高结论一致^[21]。推测可能的原因是冬季水淹的土壤含水量高,促使土壤上层的物质与水分交换频繁,进而影响微生物的多样性。

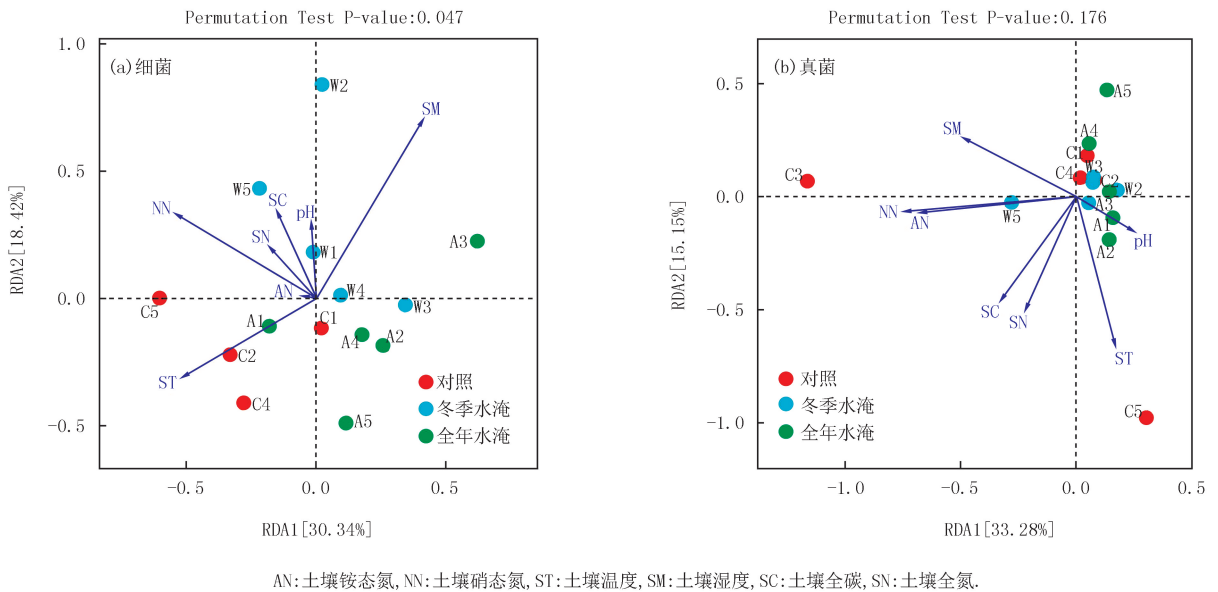


图5 土壤细菌与真菌群落结构与土壤理化性质的RDA分析

Fig.5 RDA analysis of soil bacterial and fungal community structure and soil physical and chemical properties

在长期水淹下,优势菌群可能在土壤物质的转化过程中起到重要作用。如,放线菌门含有大量腐解微生物类群,在动植物残体降解过程中发挥了重要作用,其参与了植物残体腐解及氮循环等养分转化过程^[22],这可能是其在草地生态系统土壤中丰度较高的原因。且放线菌门的相当一部分微生物能够产生菌丝和孢子^[23],可以有助于更好地适应环境胁迫,进而减弱长期水淹处理对土壤微生物群落的影响。此外,变形菌门含有大量的寡营养微生物功能群^[24],其适应环境能力较强。这也解释了在长期冬季水淹处理下放线菌门和变形菌门产生显著性差异的现象。同时细菌菌属更适宜在长期冬季水淹下生存也佐证了这一点。

3.2 两种水淹方式对土壤真菌群落结构的影响

土壤真菌是一类种类繁多并分布广泛的真核微生物。在草地生态系统中,作为分解者真菌占生物量总数的 78%~90%,其物种多样性在维持生态系统平衡中起着至关重要的作用^[11]。本研究区土壤真菌的主要优势类群为子囊菌门。有研究表明,子囊菌门能够快速代谢植物根际沉积的有机底物,加快土壤碳循环。与细菌相比,真菌比细菌对水分胁迫的耐受性更强,水分条件的变化对真菌群落的影响更小^[6]。因此在三种处理下真菌门水平间的相对丰度并无差异。在本研究中,相比于长期冬季水淹处理,土壤 pH 对长期全年水淹处理下的土壤真菌样本影响更大,这可能是由于土壤 pH 是影响微生物多样性与多养分循环关系的重要因素^[25]。

4 结 论

综上,草地生态系统经过长期水淹处理下的优势细菌类群为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门;优势真菌类群为子囊菌门和毛霉亚门。水淹处理下独享的细菌和真菌 OTU 数量均高于非水淹处理。全年水淹和冬季水淹处理下的真菌和细菌群落结构较非水淹处理具有显著性差异。水淹条件下,土壤湿度和土壤 pH 分别是调控细菌和真菌群落的最佳环境因子。建议应深入研究微生物群落对水淹导致的土壤氧含量差异下的响应机制,为探究微生物群落多方面响应机制提供理论支撑。

参 考 文 献

- [1] 张文娟,薛娟,彭飞,等.人工干预对黄河源区沙化草地土壤微生物群落的影响[J].草业科学,2019,36(4):970-979.
ZHANG W J,XUE X,PENG F,et al.Effect of human intervention on soil microbial community in desertification grassland of the Yellow River Source Region[J].Pratacultural Science,2019,36(4):970-979.
- [2] GRIFFITHS B S,HALLETT P D,KUAN H L,et al.Functional resilience of soil microbial communities depends on both soil structure and microbial community composition[J].Biology and Fertility of Soils,2008,44(5):745-754.
- [3] ALLISON S D,WALLENSTEIN M D,BRADFORD M A.Soil-carbon response to warming dependent on microbial physiology[J].Nature Geoscience,2010,3(5):336-340.
- [4] NIELSEN U N,AYRES E,WALL D H,et al.Soil biodiversity and carbon cycling:A review and synthesis of studies examining diversity-function relationships[J].European Journal of Soil Science,2011,62(1):105-116.
- [5] GRIFFITHS B S,PHILIPPOT L.Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community[J].FEMS Microbiology Reviews,2013,37(2):112-129.
- [6] 朱义族,李雅颖,韩继刚,等.水分条件变化对土壤微生物的影响及其响应机制研究进展[J].应用生态学报,2019,30(12):4323-4332.
ZHU Y Z,LI Y Y,HAN J G,et al.Effects of changes in water status on soil microbes and their response mechanism:A review[J].Chinese Journal of Applied Ecology,2019,30(12):4323-4332.
- [7] 孙树臣,赵鑫,翟胜,等.生物质炭施用对土壤水分影响的研究进展[J].灌溉排水学报,2020,39(11):112-119.
SUN S C,ZHAO X,ZHAI S,et al.The effect of biochar amendment on soil moisture:A review[J].Journal of Irrigation and Drainage,2020,39(11):112-119.
- [8] 董雄德,刘恺,李若雨,等.不同土地利用方式下土壤呼吸对极端降水脉冲的响应[J].东北林业大学学报,2019,47(12):67-72.
DONG X D,LIU K,LI R Y,et al.Response of Soil respiration to extreme precipitation pulse under different land;use patterns[J].Journal of Northeast Forestry University,2019,47(12):67-72.
- [9] TIEMANN L K,BILLINGS S A.Changes in variability of soil moisture alter microbial community C and N resource use[J].Soil Biology and Biochemistry,2011,43:1837-1847.
- [10] 贺玉龙,齐玉春,董云社,等.干湿交替下草地生态系统土壤呼吸变化的微生物响应机制研究进展[J].应用生态学报,2014,25(11):3373-3380.
HE Y L,QI Y C,DONG Y S,et al.Microbial response mechanism for drying and rewetting effect on soil respiration in grassland ecosystem:A review[J].Chinese Journal of Applied Ecology,2014,25(11):3373-3380.
- [11] ZHAO C C,MIAO Y,YU C D,et al.Soil microbial community composition and respiration along an experimental precipitation gradient in a semiarid steppe[J].Scientific Reports,2016,6:24317.
- [12] EVANS S E,WALLENSTEIN M D.Soil microbial community response to drying and rewetting stress:does historical precipitation regime matter?[J].Biogeochemistry,2012,109(1):101-116.
- [13] DE VRIES F T,LIIRI M E,BJØRN LUND L,et al.Land use alters the resistance and resilience of soil food webs to drought[J].Nature Climate Change,2012,2(4):276-280.
- [14] BARNARD R L,OSBORNE C A,FIRESTONE M K.Responses of soil bacterial and fungal communities to extreme desiccation and rewetting[J].The ISME Journal,2013,7:2229-2241.
- [15] BAHRAM M,HILDEBRAND F,FORSLUND S K,et al.Structure and function of the global topsoil microbiome[J].Nature,2018,560(7717):233-237.
- [16] 朱志伟,花振飞.华北地区冬季降水时空分布特征分析[J].水文,2010,30(4):84-87.
ZHU Z W,HUA Z F.Characteristics Analysis of Winter Precipitation in North China[J].Journal of China Hydrology,2010,30(4):84-87.
- [17] HU W G,ZHANG Q,LI D Y,et al.Diversity and community structure of fungi through a permafrost core profile from the Qinghai-Tibet Plateau of China[J].Journal of Basic Microbiology,2014,54(12):1331-1341.
- [18] CAO Y S,FU S L,ZOU X M,et al.Soil microbial community composition under Eucalyptus plantations of different age in subtropical

China[J].European Journal of Soil Biology,2009,46(2):128-135.

- [19] 金志薇,钟文辉,吴少松,等.植被退化对滇西北高寒草地土壤微生物群落的影响[J].微生物学报,2018,58(12):2174-2185.
JIN Z W,ZHONG W H,WU S S,et al.Effect of vegetation degradation on microbial communities in alpine grassland soils in Northwest Yunnan[J].Microbiology China,2018,58(12):2174-2185.
- [20] LIPSON D A,SCHMIDT S K.Seasonal changes in an alpine soil bacterial community in the Colorado Rocky Mountains[J].Applied and Environmental Microbiology,2004,70:2867-2879.
- [21] 程丽芬,樊兰英,张欣,等.山西左云县采煤区人工湿地冬季沉积物细菌群落多样性[J].微生物学通报,2019,46(12):3181-3192.
CHENG L F,FAN L Y,ZHANG X,et al.Diversity of microbial community in winter at constructed wetlands sediment around coal mining area at Zuoyun,Shanxi province[J].Microbiology China,2019,46(12):3181-3192.
- [22] LAUBER C L,STRICKLAND M S,BRADFORD M A,et al.The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types[J].Soil Biology & Biochemistry,2008,40(9):2407-2415.
- [23] WAGG C,BENDER S F,WIDMER F,et al.Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality[J].Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,2014,111(14):5266-5270.
- [24] LIU J J,SUI Y Y,YU Z H,et al.High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of Northeast China[J].Soil Biology & Biochemistry,2014,70:113-12.
- [25] JIAO S,PENG Z,QI J,et al.Linking bacterial-bungal relationships to microbial diversity and soil nutrient cycling[J].Msystems,6(2):e01052-20.

Responses of soil microbial community to seasonal flooding in a grassland ecosystem

Liu Xiaolin^{1a,2}, Yan Xinyu^{1a}, Liu Ketong^{1a}, Liu Yinzhan^{1a}, Zhao Cancan^{1a},
Han Shijie^{1a}, Wang Songting^{1a}, Liu Mengzhou^{1b}

(1. a. School of Life Sciences; b. College of Geography and Environmental Science, Henan University, Kaifeng 475004, China;
2.School of Ecology and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China)

Abstract: To test the effects of seasonal flooding on microbial community structure and characteristics in the grassland. In the study, a simulation experiments were used to set up three treatments for winter-flooding, annual-flooding and non-flooding(control). We use high-throughput sequencing technology to sequence the soil bacteria and fungi, and combining bioinformatics to analyze the composition of soil microbial communities how to response in flooding. The results showed that the dominant bacterial groups under long-term flooding treatment are Proteobacteria, Actinobacteria and Acidobacteria; the dominant fungal groups under long-term flooding treatment are Ascomycota and Mucoromycota. The number of bacteria and fungi OTU exclusive to the flooded treatment are higher than that of the control. The community structure of fungi and bacteria under the annual-flooding and winter-flooding treatments is significantly different than that of the control. Under flooded conditions, soil moisture and soil pH are the best environmental factors to regulate bacterial and fungal communities, respectively. All in all, seasonal flooding can change the composition and structure of the microbial community of the campus grassland ecosystem by regulating the physical and chemical properties of the soil, and the sensitivity of soil bacteria to seasonal flooding is higher than that of fungi.

Keywords: grassland ecosystem; changing precipitation; microbial community; high-throughput sequencing

[责任编辑 刘洋 杨浦]