

陕西靖边花豹湾聚淤坝地土壤微生物群落结构特征及其影响因子^①

阚尚¹, 李福春^{1*}, 田智宇¹, 金章东², 肖军²

(1 南京农业大学资源与环境科学学院, 南京 210095; 2 中国科学院地球环境研究所, 西安 710061)

摘要:以黄土高原天然形成的花豹湾聚淤为研究对象,系统分析了3个剖面中土壤的机械组成、有机碳(SOC)、全氮(TN)、微生物生物量碳(MBC)和微生物生物量氮(MBN),并利用磷脂脂肪酸法(PLFA)测定了土壤中细菌、真菌和放线菌的数量,重点讨论了微生物数量和群落结构与碳、氮含量及机械组成之间的相关性。结果表明:砂粒含量沿着坝尾-坝前的方向有逐渐降低的趋势,粉砂粒和黏粒含量则有逐渐升高的趋势,在垂直方向上可划分出5个明显的沉积旋回(深度分别为0~40、50~60、70~80、100~120和240~260 cm);聚淤坝地土壤微生物主要含有脂肪酸(15:0 iso、18:1 w9c、18:1 w7c、16:0 10-methyl),约占PLFA总量的54%,土壤微生物以细菌为主,约占65%~75%,放线菌约占15%~25%,真菌约占5%~10%;3种多样性指数的变化趋势基本一致,依次为A剖面>B剖面>C剖面,3个剖面的土壤微生物群落结构存在比较明显的差异,其中A剖面分化明显;土壤微生物总量、细菌数量和真菌数量与土壤中粉粒和黏粒含量以及MBC、MBN、SOC和TN均呈显著($P<0.05$)或极显著($P<0.01$)的正相关关系;土壤中细颗粒组分可能是影响微生物数量和群落结构的主要因子。

关键词:花豹湾聚淤;微生物;群落结构;磷脂脂肪酸;土壤剖面

中图分类号:Q938.1

土壤微生物是土壤有机质中最活跃和最易变化的部分,被认为是土壤生态系统演替的预警及敏感指标^[1]。土壤微生物种类和数量有可能响应土壤生态环境所发生的变化^[2],并在一定程度上影响土壤养分的利用和循环^[3]。因此,研究黄土高原土壤微生物数量及其群落结构特征对于进一步了解黄土高原生态环境变化具有重要意义。

在黄河中游黄土陡崖深沟地带,地震或重力等作用常造成巨量塌方。若坍塌下来的黄土闸住山沟、拦住泥水,则形成天然拦泥坝,称为“聚淤”,其拦截泥沙淤积而成的平地称为坝地^[4]。与天然聚淤相对应的概念是人工淤地坝。修筑淤地坝的主要目的是淤地造田。20世纪60年代以来,劳动人民在黄土高原上修建了众多的淤地坝。截至2002年,黄土高原已建成淤地坝11万余座,淤成坝地30多万 hm^2 ,可拦蓄泥沙210亿 m^3 。有文献可考的最早的人工淤地坝修建于明代万历年间(公元1573—1619年)^[5]。聚淤和淤地坝在控制黄土高原水土流失、减

少入黄泥沙和粮食增产等方面都具有十分重要的意义^[6]。同时,聚淤和淤地坝土壤/沉积物中还蕴藏着丰富的环境变化信息。有些聚淤已历时很长,例如陕西省子洲县裴家湾镇黄土洼村的聚淤形成于公元1569年^[5],距今已有445年。可见,聚淤是研究土壤微生物数量和群落结构演变的理想对象。但是,在长期的自然过程和人类活动影响下,大多数聚淤仅幸存了部分坝体和淤积物质,甚至荡然无存,完整保留下来的聚淤则十分有限^[7]。因此,相关研究工作主要针对历史较短的人工淤地坝而进行。目前,在研究淤地坝的过程中,研究者往往侧重于坝地的沉积旋回规律、泥沙来源、水分和养分状况等方面^[8-10],较少关注坝地土壤微生物特征及其与土壤理化性质之间的关系。

磷脂脂肪酸(PLFA)是微生物细胞膜的重要组成部分。微生物细胞死亡后,PLFA能够快速降解。不同微生物PLFA的碳原子数目、双键位置和异构性等具有特异性。因此,PLFA不仅可以用来表征活的微

基金项目:中国科学院知识创新工程重大项目(KZZD-EW-04)资助。

* 通讯作者(fchli@njau.edu.cn)

作者简介:阚尚(1989—),男,安徽宣城人,硕士研究生,主要从事生态恢复方面的研究。E-mail: 2012103024@njau.edu.cn

生物数量,而且还可以提供微生物群落结构方面的信息^[11]。目前,PLFA法已发展成为一种快速、可靠和经济的土壤微生物的分析方法。根据历史记载^[12],我们在陕西省靖边县找到了距今已有150多年的天然聚淤——花豹湾聚淤并采集了样品,测定了土壤的基本理化性质,重点利用PLFA法研究了该聚淤坝地土壤的微生物群落结构。本文通过讨论土壤微生物数量和群落结构特征及其与土壤的主要物理化学指标的相关性,试图阐明微生物数量和群落结构的主要控制因子,为黄土高原的生态环境变化研究提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 花豹湾聚淤概况及样品采集

花豹湾位于陕西省榆林市靖边县新城乡境内。新城乡位于靖边县南部山区,地处白于山区腹地、无定河的源头,属典型的黄土丘陵沟壑区。靖边县四季变化明显,年均气温7.8℃,年均降水量395mm,无霜期130天,属半干旱内陆季风气候。花豹湾聚淤位于108°36'E,37°18'N,形成于公元1851—1861年,距

今已有150多年。聚淤坝高67m,淤成坝地20hm²,坝地内的土壤为黄绵土^[12]。我们以200m间隔在坝前、坝中和坝尾各挖掘一个3m深的剖面,分别称为A、B和C剖面(图1)。在0~1.00m区段,按10cm间隔采样;从1.00m到3.00m区段,按20cm间隔采样,即每个剖面采集20个样品。采样时(2013年5月)当季玉米刚刚播种。

1.2 测定方法

利用重铬酸钾外加热法和凯氏定氮法分别测定土壤有机碳(SOC)和全氮(TN)。利用沉降-虹吸法测定土壤机械组成^[13]。采用氯仿熏蒸-K₂SO₄提取法测定土壤微生物生物量碳(MBC)和微生物生物量氮(MBN)^[14]。采用修正的Bligh-Dyer方法测定PLFA^[15],主要过程为:通过提取脂-过柱纯化-甲基化3个步骤将土壤中的脂肪酸提取出来,用Agilent 6890气相色谱仪进行测定。该方法以酯化C19:0为内标,单个的脂肪酸种类用nmol/g干土表示,每种脂肪酸的浓度基于碳内标19:0的浓度来计算^[16]。运用SPSS Statistics 20系统软件对数据进行统计分析,运用Canoco 5.0软件制图。

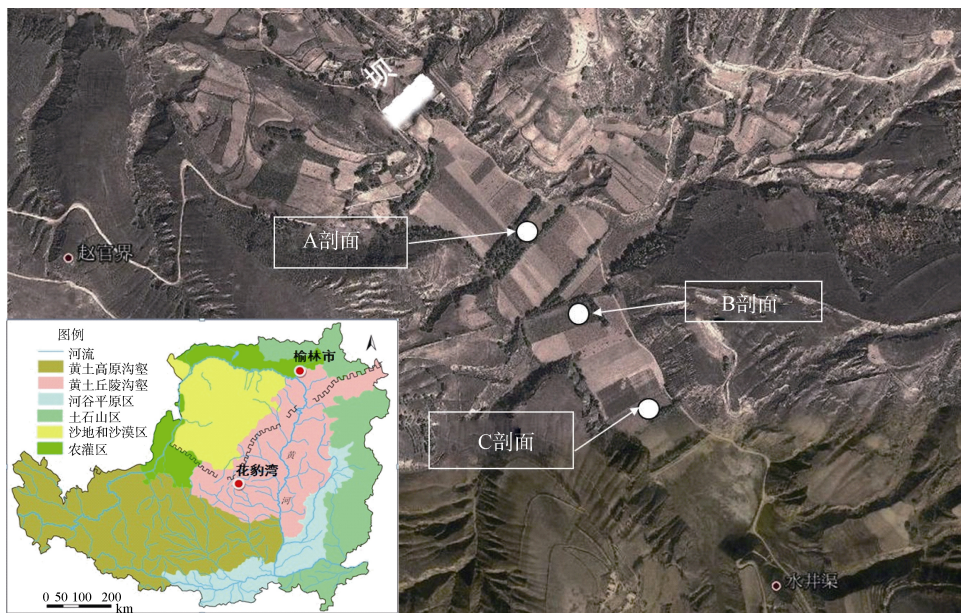


图1 花豹湾聚淤剖面位置示意图

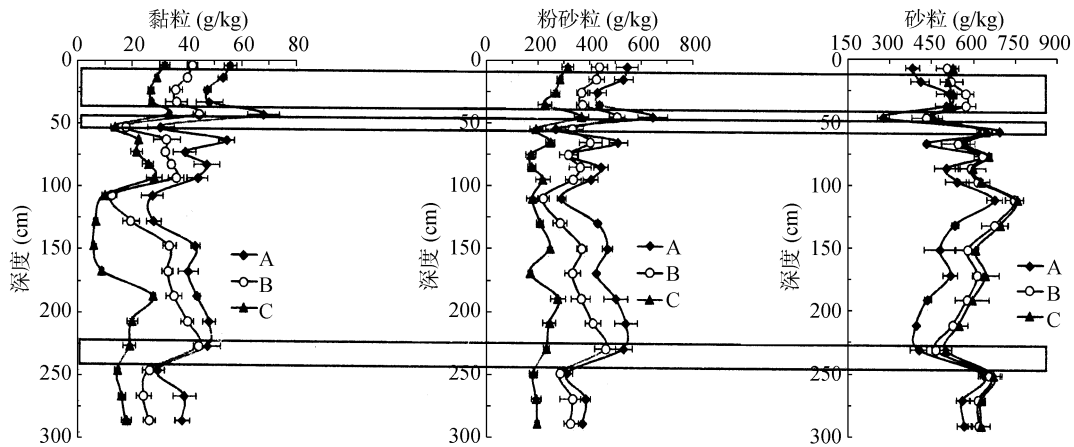
Fig. 1 Location sketch of the profiles in Huabaowan landslide reservoir

2 结果与讨论

2.1 土壤机械组成的分布规律

测定结果显示,3个剖面的土壤均以砂粒为主,粉砂粒为次,黏粒含量均最低(图2)。对比3个剖面可以发现,砂粒的平均含量表现为:A剖面(平均含量508.9g/kg)<B剖面(589.9g/kg)<C剖面(599.8g/kg),

而黏粒和粉砂粒则刚好相反,即A剖面(平均含量分别为43.5和439.8g/kg)>B剖面(32.2和363.2g/kg)>C剖面(20.2和229.1g/kg)。出现这种现象的原因可能是:当径流到达聚淤坝后,所携带的泥沙先后沉积,在重力作用下,粗颗粒运移距离较短,在坝的中尾部沉积,而细颗粒可迁移至坝前。于是,在坝尾—坝前的水平方向上形成了砂粒含量逐渐降低、粉砂粒和黏



(每个区段取中间点作图, 如 0~10 cm 区段显示的值为 5 cm, 下同)

图 2 土壤机械组成的垂直分布图

Fig. 2 Vertical distributions of the mechanical compositions in the soils

粒逐渐升高的趋势^[17]。

每次洪水被淤地坝阻拦时, 颗粒物在重力作用下发生沉降作用: 粗颗粒先沉降, 形成一个粗颗粒层; 之后, 中、细颗粒相继沉降, 形成一个相对较细的颗粒层。研究发现, 在淤地坝常见一种特殊的土层结构“冻豆腐层”^[8]。这种土层结构的特点是孔隙度、毛细孔隙比例和含水量均较高。一个粗颗粒层和一个细颗粒层构成一个旋回, 代表发生了一次洪水泛滥事件。借鉴上述研究成果, 我们可以在花豹湾聚淤坝地土壤的机械组成垂直分布图上勾画出 5 个沉积旋回, 其对应的土层深度分别为: 0~40、50~60、70~80、100~120 和 240~260 cm(图 2)。这可能说明, 花豹湾聚淤所在位置在 150 多年以来曾经发生过 5 次较大的洪水泛滥事件。

2.2 土壤有机碳和全氮含量的垂直分布规律

土壤有机碳(SOC)在花豹湾剖面中的分布规律与其他土壤剖面一样, 即在表层含量最高(在 A、B 和 C 剖面中的最高值分别为 2.61、2.16 和 2.02 g/kg)

(图 3)。在 0~60 cm 范围内呈现出总体上随深度的增加而降低的趋势; 在大约 210~260 cm 范围内, SOC 出现另一个高值区(最高值略低于表层)。在剖面最上部(大致在 0~60 cm 范围内)存在一个全氮(TN)高值区; 在剖面下部, TN 含量较低且无明显的变化。无论是 SOC 含量还是 TN 含量, 均呈现如下规律: A 剖面>B 剖面>C 剖面。

2.3 微生物生物量碳、氮及其与机械组成的相关性

尽管土壤微生物生物量碳(MBC)仅占土壤总碳的 1%~4%, 土壤微生物生物量氮(MBN)也仅占土壤全氮的 2%~7%, 但它们却是土壤中最活跃的碳库和氮库之一, 是土壤肥力的重要指标。因此, 研究土壤 MBC 和 MBN 是了解土壤响应环境影响的重要手段^[18]。从垂直分布来看, MBC 和 MBN 含量均存在两个大体上一致的高值区。第一个高值区位于剖面最上部(大约在 0~60 cm 范围内); 第二个高值区大约位于 220~240 cm 范围内(图 4)。总体上来看, MBC 和

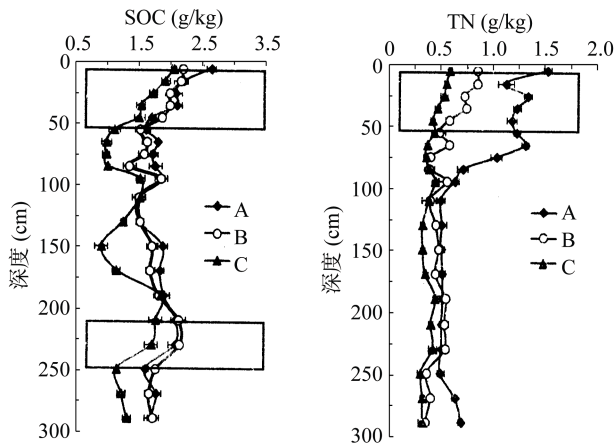


图 3 土壤有机碳和全氮含量的垂直分布图

Fig. 3 Vertical distributions of SOC and TN contents in the soils

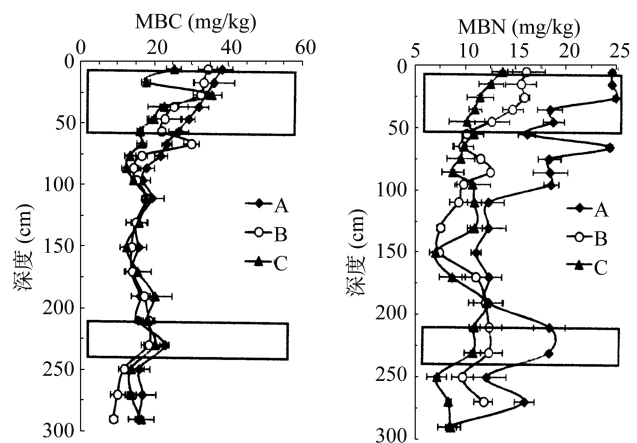


图 4 土壤微生物生物量碳、氮的垂直分布图

Fig. 4 Vertical distributions of MBC and MBN contents in the soils

MBN 含量有如下规律：A 剖面>B 剖面>C 剖面。相关性分析结果表明，MBC 与砂粒具有极显著的负相关关系(对于 A、B 和 C 剖面，相关性系数 r 分别为

0.56、0.58 和 0.61, $P<0.01$)，与粉砂粒(r 分别为 0.49、0.53 和 0.52, $P<0.05$)和黏粒(r 分别为 0.49、0.45 和 0.51, $P<0.05$)具有显著的正相关关系(表 1)。

表 1 微生物指标与化学成分、机械组成的相关系数($n=20$)

Table 1 Correlation coefficients for microbiological indexes with chemical compositions and mechanical compositions of the soils

指标	剖面	MBC	MBN	SOC	TN	砂粒	粉砂粒	黏粒
MBC	A	1	0.77**	0.64**	0.87**	-0.56*	0.49*	0.49*
	B	1	0.70**	0.53*	0.85**	-0.58**	0.53*	0.45*
	C	1	0.60**	0.66**	0.52*	-0.61**	0.52*	0.51*
MBN	A		1	0.64**	0.75**	-0.51*	0.43	0.46*
	B		1	0.63**	0.69**	-0.59**	0.46*	0.54*
	C		1	0.83**	0.64**	-0.68**	0.57**	0.56*
PLFA 总量	A	0.74**	0.49*	0.52*	0.55*	-0.48*	0.53*	0.49*
	B	0.75**	0.57**	0.63**	0.61**	-0.53*	0.54*	0.58**
	C	0.75**	0.69**	0.69**	0.62**	-0.59**	0.66**	0.60**
细菌	A	0.73**	0.51*	0.58**	0.60**	-0.51*	0.49*	0.51*
	B	0.70**	0.47*	0.51*	0.61**	-0.50*	0.53*	0.57**
	C	0.65**	0.62**	0.58**	0.61**	-0.55*	0.59**	0.65**
真菌	A	0.65**	0.39	0.44	0.48*	-0.50*	0.51*	0.59**
	B	0.60**	0.57**	0.49*	0.61**	-0.54*	0.51*	0.62**
	C	0.72**	0.44	0.52*	0.56*	-0.51*	0.68**	0.69**
放线菌	A	0.57**	0.50*	0.50*	0.33	-0.16	0.49*	0.47*
	B	0.27	0.25	0.58**	0.04	-0.23	0.50*	0.49*
	C	0.41	0.48*	0.55*	0.09	-0.09	0.26	0.60**

注：** 表示差异达到 $P<0.01$ 显著水平，* 表示差异达到 $P<0.05$ 显著水平。

2.4 微生物数量特征及其与化学成分和机械组成的相关性

PLFA 分析结果表明，从 3 个土壤剖面中共检测出 17 种 PLFA 生物标记。其中，属于细菌的生物标记有：15:0 iso、15:0 anteiso、16:0 iso、16:1 w7c、16:1 w6c、17:0 iso、17:0 anteiso、17:1 w8c、16:1 2OH、18:1 w9c、18:1 w7c 和 20:1 w7c；属于真菌的有 16:1 w5c 和 18:2 w6c；属于放线菌的有 16:0 10-methyl 和 17:0 10-methyl；其余还有少量原生动物。在花豹湾聚淤坝地土壤的微生物中(表 2)，细菌占主导地位，约占总量的 65%~75%。真菌和放线菌分别约占 5%~10% 和 15%~25%。革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌和放线菌含量在 A 剖面土壤中最高(10.18、32.81、9.61 nmol/g)，在 C 剖面土壤中最低(6.13、20.45、6.54 nmol/g)；革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值大小排序为 A 剖面>C 剖面>B 剖面，真菌/细菌比值大小排序为 A 剖面>B 剖面>C 剖面。

从垂直方向上来看，可将剖面分成 3 个高值区和 3 个低值区共 6 个土层(图 5)。3 个高值区大致分别位于 0~50、120~140 和 220~260 cm 处，这与 SOC、TN、MBC 和 MBN 的分布大体上一致。从图 5 还可以看出，土壤微生物数量具有随着深度增

表 2 土壤中特征微生物类群 PLFA 总量及其比值

Table 2 Total PLFA and the ratio of the characteristics of microorganisms in soils

特征微生物类群	剖面		
	A	B	C
细菌/总 PLFA (%)	73.26	73.03	71.43
真菌/总 PLFA (%)	8.71	5.81	6.40
放线菌/总 PLFA (%)	16.03	20.33	19.19
革兰氏阳性细菌 (nmol/g)	10.18	7.13	6.13
革兰氏阴性细菌 (nmol/g)	32.81	26.26	20.45
革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌 (%)	31.03	24.27	29.98
真菌/细菌 (%)	12.60	9.55	8.42
放线菌 (nmol/g)	9.61	9.48	6.54

加而降低的趋势。这可能是因为：随着深度的增加，土壤养分含量减少，通气性和水热条件变差。通过对比可以发现，无论是 PLFA 总量，还是细菌、真菌、放线菌含量，均具有 A 剖面>B 剖面>C 剖面的变化规律。

相关性分析结果表明，微生物总量、细菌数量和真菌数量与砂粒含量呈显著的负相关关系，与粉砂粒和黏粒呈显著的正相关关系。它们与 MBC、MBN、SOC 和 TN 呈正相关关系，绝大多数达到极显著水平

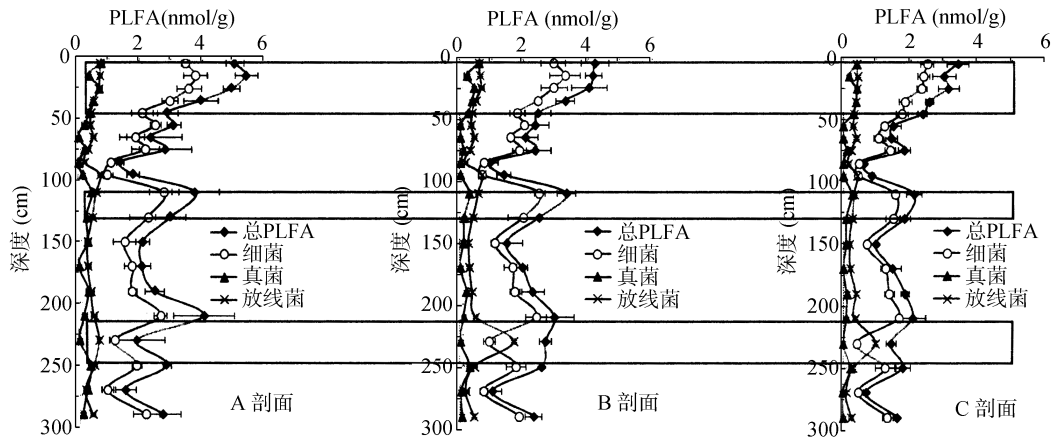


图 5 土壤微生物 PLFA 含量的垂直分布图
Fig. 5 Vertical distributions of soil microbial PLFA contents

(表 1)。这充分地说明，土壤机械组成通过影响有机质含量而决定了微生物数量。

2.5 微生物群落多样性指数

利用各物种 PLFA 值通过 Shannon、Simpson 和 Pielou 多样性指数模型计算可以得出微生物群落多样性指数。不同多样性指数反映了土壤微生物多样性的不同侧面。Magurran^[19]指出 Shannon 指数受群落物种微生物的丰富度影响较大，Simpson 指数则反映了微生物群落中最常见的物种，Pielou 指

数则是微生物群落物种均一性的度量。按图 5 的分层方法，我们计算了每个土层的平均 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数和 Pielou 指数(表 3)。结果表明：微生物数量高值区的 Shannon 指数、Simpson 指数和 Pielou 指数基本上都高于其下的低值区；无论是高值区还是低值区，上述多样性指数均有随着深度的增加而减小的趋势；在相同的深度处，上述多样性指数均有 A 剖面>B 剖面>C 剖面的趋势。

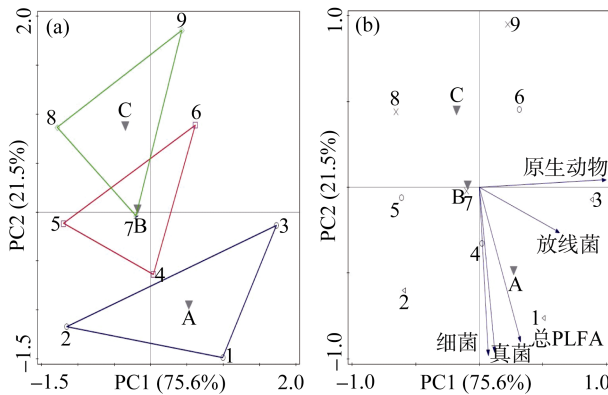
表 3 土壤微生物群落多样性指数
Table 3 Diversity indices of soil microbial communities

土层深度(cm)	剖面	指数		
		Shannon-Wiener 指数	Simpson 指数	Pielou 指数
0 ~ 50 (高值区)	A	2.753 ± 0.112 a	0.956 ± 0.017 a	0.934 ± 0.011 a
	B	2.620 ± 0.102 a	0.924 ± 0.014 a	0.898 ± 0.012 a
	C	2.536 ± 0.168 a	0.911 ± 0.018 a	0.891 ± 0.016 a
50 ~ 120 (低值区)	A	2.318 ± 0.142 bc	0.912 ± 0.011 b	0.884 ± 0.012 b
	B	2.296 ± 0.121 bc	0.883 ± 0.016 b	0.850 ± 0.019 b
	C	2.193 ± 0.168 bc	0.877 ± 0.014 b	0.827 ± 0.017 b
120 ~ 140 (高值区)	A	2.442 ± 0.136 b	0.918 ± 0.017 b	0.891 ± 0.016 b
	B	2.433 ± 0.108 b	0.899 ± 0.011 b	0.859 ± 0.014 b
	C	2.365 ± 0.127 b	0.881 ± 0.013 b	0.837 ± 0.017 b
140 ~ 220 (低值区)	A	2.441 ± 0.113 b	0.915 ± 0.018 b	0.889 ± 0.013 b
	B	2.422 ± 0.107 b	0.901 ± 0.012 b	0.855 ± 0.019 b
	C	2.263 ± 0.133 b	0.886 ± 0.013 b	0.844 ± 0.011 b
220 ~ 260 (高值区)	A	2.298 ± 0.121 bc	0.939 ± 0.015 ab	0.867 ± 0.014 b
	B	2.159 ± 0.105 bc	0.912 ± 0.017 ab	0.837 ± 0.010 b
	C	2.074 ± 0.119 bc	0.904 ± 0.013 ab	0.808 ± 0.011 b
260 ~ 300 (低值区)	A	2.142 ± 0.101 c	0.913 ± 0.012 b	0.798 ± 0.011 c
	B	2.110 ± 0.117 c	0.887 ± 0.011 b	0.762 ± 0.014 c
	C	2.022 ± 0.151 c	0.865 ± 0.016 b	0.743 ± 0.017 c

注：同列数据小写字母不同表示同一剖面不同土层间指数差异达到 $P < 0.05$ 显著水平。

2.6 微生物群落结构主成分分析

主成分分析结果表明,第一和第二主成分的方差贡献率分别为 75.6% 和 21.5%,累计贡献率达到 97.1%。这说明,利用这两个主成分完全可以区分微生物群落结构(图 6)。主成分分析图显示,分别代表 A、B 和 C 剖面的 3 个三角形被较明显地分开(图 6a)。这暗示着 3 个剖面的土壤微生物群落结构存在比较明显的差异。相比而言,代表 B 剖面 and C 剖面的两个三角形较为接近,并与代表 A 剖面的三角形分得较开。在主成分分析图中,剖面 and 箭头间的夹角呈锐角时,表示该剖面与箭头所代表的因子相关性强,且夹角越小表示相关性越强^[20]。据此可以判断,3 个剖面总生物量、真菌、细菌、放线菌以及原生动动物生物量之间的相关性强弱均为:A 剖面>B 剖面>C 剖面(图 6b)。该顺序与黏粒含量的大小顺序一致。该结果说明,黏粒组分可能影响着土壤微生物群落结构的分布。



(PC1: 第一主成分, PC2: 第二主成分; A: 1~3 分别表示 A 剖面 0~100、100~200、200~300 cm; B: 4~6 分别表示 B 剖面 0~100、100~200、200~300 cm; C: 7~9 分别表示 C 剖面 0~100、100~200、200~300 cm; Δ : A, \square : B, \circ : C)

图 6 微生物群落的主成分分析

Fig. 6 Principal component analysis of soil microbial communities' PLFAs

3 结论

1) 砂粒含量沿着坝尾、坝中和坝前的方向有逐渐降低的趋势,粉砂粒和黏粒含量则有逐渐升高的趋势,在垂直方向上可划分出 5 个明显的沉积旋回(深度分别为 0~40、50~60、70~80、100~120 和 240~260 cm)。

2) 聚淤坝地土壤微生物主要含有脂肪酸(15:0 iso, 18:1 w9c, 18:1 w7c, 16:0 10-methyl),约占 PLFA 总量的 54%。从微生物数量上来看,剖面包括 3 个高值区(分别位于 0~50、120~140 和 220~260 cm 处)和 3 个低值区。土壤微生物以细菌为主,约占 65%~

75%,其次为放线菌和真菌,分别约占 15%~25% 和 5%~10%。

3) Shannon 指数、Simpson 指数和 Pielou 指数的变化趋势基本一致,均为 A 剖面>B 剖面>C 剖面。微生物群落结构可能与其数量有关,微生物数量高值区的 3 种多样性指数基本上都高于其下的低值区,3 个剖面的土壤微生物群落结构存在比较明显的差异,其中 A 剖面分化明显。

4) 土壤微生物总量、细菌数量和真菌数量与土壤中粉粒和黏粒含量以及 SOC 和 TN 均呈显著 ($P<0.05$)或极显著 ($P<0.01$)正相关,而 SOC、TN 与 MBC、MBN 也均呈显著或极显著的正相关关系,说明土壤机械组成影响着 SOC 和 TN 在土壤中的粒度分布,进而控制微生物数量和群落结构。

参考文献:

- [1] White D C, Davis W M, Nickels J S, et al. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractable lipid phosphate[J]. *Oecologia*, 1979, 40(1): 51-62
- [2] Bossio D A, Fleck J A, Scow K M, et al. Alteration of soil microbial communities and water quality in restored wetlands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(6): 1 223-1 233
- [3] Harris J A, Birch P. Soil microbial activity in opencast coal mine restorations[J]. *Soil Use and Management*, 1989, 5(4): 155-160
- [4] 陈升辉, 陈彰岑. 从天然拦泥坝(聚淤)看大型拦泥坝的前景[J]. *黄河建设*, 1964(11): 16-18
- [5] 陈晓梅. 黄土高原地区淤地坝的形成与发展[J]. *山西水土保持科技*, 2006, 32(4): 20-21
- [6] 王云强, 张兴昌, 韩凤鹏. 黄土高原淤地坝土壤性质剖面变化规律及其功能探讨[J]. *环境科学*, 2008, 29(4): 1 020-1 026
- [7] 李殿旭. 谈天然聚淤和人工聚淤[J]. *黄河建设*, 1965(12): 21-22
- [8] 张信宝, 温仲明, 冯明义, 等. 应用 ^{137}Cs 示踪技术破译黄土丘陵区小流域坝库沉积赋存的产沙记录[J]. *中国科学 D 辑: 地球科学*, 2007, 37(3): 405-410
- [9] 刘鹏, 岳大鹏, 李奎. 陕北黄土洼淤地坝粗颗粒沉积与暴雨关系探究[J]. *水土保持学报*, 2014, 28(1): 79-83
- [10] 弥志娟, 穆兴民, 赵广举. 黄土高原水蚀风蚀交错区小流域泥沙粒径的分形分析[J]. *水土保持研究*, 2014, 21(1): 12-17
- [11] 汪峰, 蒋瑞霁, 李昌明, 等. 不同气候条件下潮土微生物群落的变化[J]. *土壤*, 2014, 46(2): 290-296
- [12] 温怀德, 李昌檀, 马国廷. 靖边县志[M]. 陕西: 陕西人民出版社, 1993: 57-60
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005: 25-42
- [14] Joergensen R G, Mueller T. The fumigation-extraction method to estimate soil microbial biomass: Calibration of the kEN value[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28(1): 33-37

- [15] Bligh E G, Dyer W J. A rapid method of total lipid extraction and purification[J]. *Canadian Journal of Biochemistry and Physiology*, 1959, 37(8): 911–917
- [16] Tunlid A, Hoitink H A J, Low C, et al. Characterization of bacteria that suppress rhizoctonia damping off in bark compost media by analysis of fatty acid biomarkers[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1989, 55(6): 1 368–1 374
- [17] 龙翼, 张信宝, 李敏, 等. 陕北子洲黄土丘陵区古聚淤洪水沉积层的确定及其产沙模数的研究[J]. *科学通报*, 2009, 54(1): 73–78
- [18] 高嵩涓, 曹卫东, 白金顺, 等. 长期冬种绿肥改变红壤稻田土壤微生物生物量特性[J]. *土壤学报*, 2015, 52(4): 902–910
- [19] Magurran A E. *Ecological diversity and its measurement*[M]. Princeton, NJ: Princeton University Press, 1988, 141–162
- [20] Dong W Y, Zhang X Y, Dai X Q, et al. Changes in soil microbial community composition in response to fertilization of paddy soils in subtropical China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, 84(2): 140–147

Characteristics and influencing factors of Soil Microbial Community Structure of Huabaowan Landslide Reservoir in Jingbian, Shanxi

KAN Shang¹, LI Fuchun^{1*}, TIAN Zhiyu¹, JIN Zhangdong², XIAO Jun²

(1 College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China;

2 Institute of Earth Environment, Chinese Academy of Sciences, Xi'an 710061, China)

Abstract: The contents of soil mechanical composition, organic carbon (SOC), total nitrogen (TN), microbial biomass carbon (MBC), microbial biomass nitrogen (MBN) of the soils from dam of Huabaowan landslide reservoir were investigated using systemative analysis. The density of bacteria, fungi and actinomycetes in the soils was measured using phospholipid fatty acids (PLFAs). We focused on the correlations of the density and community structure of microbes with the contents of carbon, nitrogen and mechanical composition of the soils from Huabaowan landslide reservoir which is formed naturally in the Loess Plateau. The results showed that: 1) the contents of sand decreased gradually, however, the contents of silt and the clay increased gradually along the direction from the tail of dam to the front of dam, and it was formed 5 distinct depositional cycles (0–40, 50–60, 70–80, 100–120, 240–260 cm) in the vertical direction; 2) soil microbes mainly contained fatty acids (15:0 iso, 18:1 w9c, 18:1 w7c, 16:0 10-methyl) in landslide reservoir, which was about 54% of total PLFA. Bacteria was the main composition of the soil microbial community, accounting for 65%–75% of the total PLFA. Actinomycetes accounted for about 15%–25%, and fungi accounted for about 5%–10% of the total PLFA; 3) the changing tendency of diversity indices for the three species was similar, following the order: A profile >B profile >C profile. There were significant differences of soil microbial community structure among three profiles, and A profile differentiated more obviously than others; 4) the total soil microbes and the density of bacteria and fungi were positively correlated with the contents of silt, clay, MBC, MBN, SOC and TN significantly ($P < 0.05$); 5) fine particle components may be the main factor determining the density and community structure of microbes in the soils.

Key words: Huabaowan landslide reservoir; Microbes; Community structure; PLFA; Soil profile