

DOI: 10.5846/stxb201507181512

李杨, 刘梅, 孙庆业. 不同植物群落下铜尾矿废弃地生物结皮中真菌群落结构的比较. 生态学报, 2016, 36(18): - .

Li Y, Liu M, Sun Q Y. Comparing the fungal community structure in biological soil crusts obtained under different plant communities in a copper mine tailings. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(18): - .

不同植物群落下铜尾矿废弃地生物结皮中真菌群落结构的比较

李 杨, 刘 梅, 孙庆业 *

安徽大学资源与环境工程学院, 合肥 230601

摘要: 分布于铜尾矿废弃地的裸地表面及维管植物群落中的生物土壤结皮在尾矿废弃地生态恢复过程中扮演重要角色。利用分子生物学技术探讨了不同维管植物下以及不同演替阶段的生物土壤结皮中真菌的多样性及其群落结构的变化。结果表明: 生物土壤结皮中的真菌主要包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和壶菌门(Chytridiomycota), 其中子囊菌门占绝对优势, 其相对丰度为 55.12%—87.73%, 其次为担子菌门相对丰度为 12.27%—43.86%; 不同样本真菌群落结构在门、纲、目以及属的水平存在显著差异; 生物土壤结皮中真菌群落结构和多样性的差异与维管植物群落类型以及演替阶段不同的生物土壤结皮的类型有关, 与基质化学性质之间无显著的相关性。

关键词: 生物土壤结皮; 真菌群落结构; 真菌群落多样性; 铜尾矿

Comparing the fungal community structure in biological soil crusts obtained under different plant communities in a copper mine tailings

LI Yang, LIU Mei, SUN Qingye *

School of Resources and Environmental Engineering, Anhui University, Hefei 230601, China

Abstract: Biological soil crusts (BSCs) found on the surface of bare wasteland and beneath the tracheophyte communities in mine tailing ponds, play an important role in the processes that are involved in natural ecological restoration of copper mine tailings. Fungi are an important part of BSCs, and they adhere to the surface soil and other components stably through their fungal hypha. It is important to enhance the resilience of mine tailings against wind erosion, as well as improve their moisture holding capacity that can be beneficial for the plant colonization on loose mine tailings' surfaces. However, the structure and diversity of microbial communities (especially fungal communities) of BSCs on the surface of mine tailings are poorly investigated. In this study, the changes in the fungal diversity and community structure of BSC samples at different successional stages, as well as tracheophyte species, were investigated using molecular biotechnologies. Moss-algal crusts beneath the *Hippochaete ramosissimum* (YM) had the lowest diversity index (including Shannon-Wiener index, Simpson index and Pielou index), among other significant differences of diversity and evenness that were observed in the fungal communities from the BSC samples and tracheophyte species. In addition, significant differences in basic soil chemical properties, such as loss-on-ignition, total nitrogen, and available phosphorus, were also found among the BSC samples. This indicates that the fungi in the BSC samples included the phyla Ascomycota, Basidiomycota, and Chytridiomycota. The phylum Ascomycota was dominant in these samples, and displayed a higher relative abundance 55.12%—87.73%, followed by the phylum Basidiomycota with a relative abundance of 12.27%—43.86%. Significant differences in fungal community

基金项目: 国家自然科学基金(41171418)资助

收稿日期: 2015-07-18; 修订日期: 2015-12-23

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: sunqingye@ahu.edu.cn

structure were found at the phylum, order, class, and genus level. In addition, a non-metric multidimensional scaling (NMDS) analysis also showed that the fungal community structure is significantly influenced by tracheophyte species and the successional stage. However, canonical correlation analysis (CCA) indicated that this variation was not mainly caused by the substrate chemical properties of the mine tailings. In addition, Pearson correlations showed no significant correlation between fungal community structure and soil chemical properties.

Key Words: biological soil crusts; fungal community structure; fungal community diversity; copper mine tailings; Basidiomycota; Chytridiomycota; Ascomycota

生物土壤结皮(biological soil crusts, BSCs)是由微细菌、真菌、藻类、地衣、苔藓等隐花植物及其菌丝、分泌物等与土壤砂砾粘结形成的复合物,在干旱、半干旱以及极地、亚极地区等脆弱生态区域广泛分布^[1]。生物土壤结皮细菌、真菌、地衣和苔藓植物的地下菌丝和假根能够黏结沙粒^[2],能有效地减小风和水对土壤地表的侵蚀,更重要的是生物土壤结皮积极参与 C、N 的生物地球化学循环^[1-4]、水分循环^[2]、保持表层土壤的稳定性^[5]以及影响种子库^[6]等,在维持干旱、半干旱区域生态系统的稳定中扮演重要角色^[2,7]。生物土壤结皮中还生存着大量的土壤微生物,如真菌、细菌、原生动物和线虫等^[7-9]。

铜尾矿是铜矿选矿过程中产生的粉末状矿业废弃物,表层尾矿在风和水的作用下移动性较强,表面稳定性差,且表面易于发生干旱。生物土壤结皮中的苔藓等是自然演替过程中常见的先锋植物,能改善环境条件有利于维管植物的发育^[2],从而有利于尾矿的稳定。野外调查发现,在弃置的铜尾矿废弃地自然生态恢复过程中,尾矿废弃地的表面也形成大量的生物结皮,且可以划分为 3 种类型,即藻类结皮(algal crust)、藓类-藻类混合结皮(moss-algal crust)和藓类结皮(moss crust),其中的藓类主要是黄色真藓(*Bryum pallenscens*)。这是由于铜尾矿废弃地中的生物土壤结皮发育和分布特征不同于干旱和半干旱土壤的生物土壤结皮,在稳定的铜尾矿裸地中先有藻类生长,然后苔藓植物侵入形成藓-藻结合结皮,随着演替的进行藓类结皮成为生物土壤结皮主要成分。这些生物土壤结皮为维管植物群落的形成发展提供了良好的场所,即使维管植物群落形成之后,在植物群落的斑块状空隙处及维管植物之下仍存在大量的生物土壤结皮。在尾矿中,生物土壤结皮不仅能改善尾矿表层的风力侵蚀^[2,5],也可以有效地改善尾矿中的养分含量^[2-4],是尾矿中重要的碳氮来源为微生物提供营养和能量来源^[3-4,10-11]。研究表明这些生物土壤结皮中生活着大量的蓝细菌及固氮微生物^[10-11],能够有效改善表层尾矿的养分状况^[12]。

作为生物土壤结皮的重要组成部分,真菌的菌丝把表层土壤和其它成分粘连成一个稳定整体,使土壤表现出一定的抗风蚀能力和持水能力^[8]。对于表层疏松的尾矿废弃地而言,稳定的表层有利于植物的定居和植被的自然恢复。迄今为止,关于尾矿废弃地表面自然生长的生物土壤结皮中微生物群落结构及其多样性鲜有报道^[10],本研究以生长在铜尾矿废弃地表面的生物土壤结皮为对象,通过分子生物学方法研究来自不同维管植物群落以及不同演替阶段的生物土壤结皮中的真菌多样性及其群落结构的变化,进一步探讨不同植物群落以及演替过程对生物土壤结皮真菌群落结构的影响。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

铜陵地处长江中下游南岸,属亚热带季风气候,年平均气温 16.2℃,夏季平均气温 27.4℃,无霜期平均为 230 d,年平均降水量 1390 mm,年平均湿度为 75%—81%。本研究选取生长在铜陵杨山冲(30°54'N, 117°53'E)铜尾矿废弃地上的生物土壤结皮。杨山冲尾矿矿废弃地堆存尾矿 1308 万 t,库区面积 22 hm²,库区汇水面积 0.54 km²,该尾矿废弃地 1991 年弃置停用后开始自然生态恢复过程,目前自然生长的主要维管植物群落包括白茅(*Imperata cylindrica*)、中华结缕草(*Zoysia sinica*)、木贼(*Hppochaete ramosissimum*),藓-藻结合结皮零星地分布在这些植物群落下及植物群落间的空地上,藓类结皮主要分布在尾矿裸地上。

1.2 样品采集与预处理

本研究于 2010 年 4 月从杨山冲尾矿库采集 5 种类型的生物土壤结皮,分别是白茅群落(YB)、中华结缕草群落(YJ)和木贼群落下(YM)的藓-藻混合结皮,藻类结皮(YX)和作为对照的无植物生长的裸地尾矿(YL)。每种样品采集 4 个平行样,将 4 个采样点所采集样本分别装入密封袋,做好标记,将其放入冰盒内,用于真菌多样性研究。在各生物土壤结皮采样处,同时采集紧贴生物土壤结皮下层的尾矿,每处采集的尾矿样本分别装入密封袋,放入冰盒内,带回实验室后用于尾矿理化性质的测定。

1.3 化学性质分析

有机质含量采用烧失量法($(550\pm 5)^{\circ}\text{C}$, 6 h)测定,pH 值用酸度计(pHS-3C 型精密 pH 计,上海雷磁仪器厂)测定($W_{\text{尾矿}}:V_{\text{水}}=1\text{ g}:5\text{ mL}$),总氮采用开氏定氮法测定,有效态磷采用钼蓝比色法测定^[13]。

1.4 DNA 提取

称取 0.5 克结皮样本用 1×TE 洗涤样本 2 遍去除腐殖质、色素、盐离子等并参照 Zhou^[14]的提取方法提取基因组总 DNA。

1.5 PCR 扩增与酶切

真菌 PCR 扩增使用 18S rRNA 通用引物, F:5'-GGA GGA TTA GGG TCC GAT TCC-3'; R:5'-CTT CCG TCA ATT CCT TTA AG-3'。用 DNA 纯化试剂盒对扩增的 PCR 产物进行胶回收纯化(等量混合同一植物群落的 4 个平行样品的 PCR 产物),将已纯化的 PCR 产物与 pEASY-T3-Vector 连接并转入 E.coli DH5a 感受态细胞。细胞在含有 X-Gal 和 IPTG 并混有 100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 氨苄青霉素的 LB 固体平板上 37 $^{\circ}\text{C}$ 培养 12h。利用蓝白筛选和 Amp 抗性筛选阳性克隆,挑取阳性单菌落于 LB 液体培养基中 37 $^{\circ}\text{C}$ 水浴振荡培养 4—6 h,以菌液作为模板以 M13-F、M13-R 为引物做 PCR 扩增。M13-F:5'-GTA AAA CGA CGG CCA GT-3'; M13-R:5'-CAG GAA ACA GCT ATG AC-3'。分别选用限制性内切酶 Hha I 和 Msp I 对 M13 扩增产物进行酶切消化,用 2.0% 的琼脂糖凝胶电泳对酶切片段进行分离检测,根据酶切图谱对克隆子进行分型。每一个基因型可以作为一个分类操作单位(Operational Taxonomic Unit, OTU)选择具有代表性的菌液进行测序。研究中将所有获得的序列构建系统发育树,剔除非真菌的序列并将真菌的 18S rRNA 基因序列提交到 NCBI,获得登录号为 KT285715-KT285801。

1.6 数据分析

以香农-威纳指数(Shannon-Wiener index)和 Simpson 指数来计算真菌物种多样性,以 Pielou 指数计算真菌物种的均匀度。采用 SPSS 19.0 进行理化数据以及 Pearson 相关性分析,用 One way ANOVA (Duncan 检验)进行多重比较($P<0.05$)比对。使用 MEGA 4.0 进行系统发育树的构建。利用 Mothur (1.31.2) 计算不同 OTUs 的相似度,以相似度为 0.97 构建 OTU 矩阵。利用 R 语言(R 3.2)基于 OTU 矩阵计算 Bray-Curtis 距离矩阵并进一步做非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)。在 R 语言环境中使用典范相关分析(canonical correlation analysis, CCA)鉴定影响真菌群落结构的主要影响因素,并用蒙特卡洛检验分析环境因子与真菌群落结构的相关性。

2 结果与分析

2.1 生物土壤结皮中真菌多样性及结构变化

不同植物群落以及不同演替阶段下的 5 种类型生物土壤结皮中真菌多样性指数的变化如表 1 所示,从表 1 可以看出,白茅群落下结皮和真藓结皮中总的克隆数远低于结缕草群落中结皮和裸地,尽管木贼群落中的结皮具有较高的克隆数,但其的 OTUs 在 5 个样本中是最低的。Shannon-Wiener、Simpson、Pielou 指数以及稀释曲线(图 1)均表明,在 5 个样本中生长在木贼群落中的结皮和裸地处较低。这些结果表明生长在不同植物群落中以及不同演替阶段的生物土壤结皮中真菌多样性及均匀度存在差异。

系统发育树(图 2,图 3)显示在门、优势纲和优势目 3 个分类水平上 5 个生物土壤结皮样本中真菌群落结构的差异。在所分析的 5 个生物土壤结皮样本中,共检测出隶属于 3 个门的真菌(即子囊菌门(Ascomycota)

表 1 各样本的生物多样性指数

Table 1 Biodiversity indexes in each sample

样品 Samples	克隆数 No. of clones	OTUs	Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index	Pielou 指数 Pielou index	Simpson 指数 Simpson index	库容/% Coverage
YB	98	19	3.699	0.807	0.901	94.90
YJ	165	23	3.251	0.637	0.843	94.55
YM	106	9	2.679	0.575	0.812	99.06
YX	98	23	3.722	0.812	0.893	88.78
YL	150	13	2.793	0.562	0.805	96.67

YB, YJ 和 YM 分别表示白茅群落、中华结缕草群落和木贼群落下的藓-藻混合结皮, YX 表示藻类结皮, YL 表示作为对照的无植物生长的裸地尾矿

(图 2)、担子菌门 (Basidiomycota) 和壶菌门 (Chytridiomycota) (图 3))。在子囊菌门和担子菌门中共检测出 8 个纲, 包括子囊菌门的座囊菌纲 (Dothideomycetes)、散囊菌纲 (Eurotiomycetes)、盘菌纲 (Pezizomycetes)、酵母纲 (Saccharomycetes) 和外囊菌纲 (Taphrinomycetes) 等 5 纲以及担子菌门的伞菌纲 (Agaricomycetes)、银耳纲 (Tremellomycetes) 和微球黑粉菌纲 (Microbotryomycetes) 等 3 纲。在 8 个纲中, 相对丰度较高的优势纲主要包括担子菌门的伞菌纲、银耳纲 (图 3) 和子囊菌门的座囊菌纲、散囊菌纲 (图 2), 这 4 个纲占总检测出真菌的比例均超过 90%, 其中生活在木贼群落中的生物结皮仅有 3 个纲, 即座囊菌纲、散囊菌纲和伞菌纲。在研究的 5 个样本中, 裸地处和结缕草群落下的生物结皮中拥有较高丰度的座囊菌纲和较低丰度的散囊菌纲, 而裸地处和藓类结皮中伞菌纲和银耳纲相对丰度低于其他其他 3 个生物结皮样本。盘囊菌纲仅在白茅群落下结皮以及藓类结皮中以较低的相对丰度存在, 而酵母纲和外囊菌纲也仅分别在裸地处和结缕草群落下结皮中以较低的相对丰度存在。基于纲的水平, 5 个样本在真菌群落组成方面存在很大的差异, 这一结果表明植物群落对生物结皮中真菌群落种类组成的影响是非常显著的。5 个样本不仅在优势门和优势纲的水平上存在显著差异, 在子囊菌门优势目水平上也表现出显著的差异。在裸地和白茅群落、结缕草群落下的结皮中有 3 个优势目, 其相对丰度均表现为座囊菌目 (Dothideales) > 格孢菌目 (Pleosporales) > 刺盾炱目 (Chaetothyriales); 而在藓类结皮和木贼群落下的结皮中仅有格孢菌目和刺盾炱目两个优势目, 且前者的相对丰度显著高于后者。

通过与 GenBank 比对, 在 5 个样本所检测出的系列中, 隶属于子囊菌门和担子菌门的真菌分别有 17 属和 12 属。其中在至少某一样本中相对丰度大于 5% 的优势属分别为 9 属和 5 属。具有较低的相对丰度、并仅在于某一或某两个样本中的属主要包括子囊菌门的 *Taphrina*、*Lamprospora*、*Cochliobolus*、*Candida*、*Bimuria*、*Aspergillus* 等和担子菌门的 *Sphacelotheca*、*Rhodotorula*、*Rhodosporidium*、*Hyphodontia*、*Fellomyces*、*Cyphellostereum* 等。从系统发育树中可以看出, 5 个样本在属的水平上仍然存在着显著的差异。在 14 个优势属中, 只有担子菌门的 *Rickenella* 属在 5 个样本中均有分布, 仅在某一样本具有较高相对丰度的属包括 *Phaeosphaeria*、*Leptosphaeria*、*Alternaria*、*Collybia* 和 *Trichosporon*。其中, *Leptosphaeria*、*Collybia* 和 *Trichosporon* 仅在白茅群落下的生物结皮中占优势, 而 *Phaeosphaeria* 和 *Alternaria* 仅分别在木贼群落下结皮以及藓类结皮中占优势。

2.2 生物土壤结皮的化学性质变化

研究区域生物土壤结皮基本化学性质如表 2 所示。从表 2 可以看出, 生物土壤结皮基本表现出微碱性;

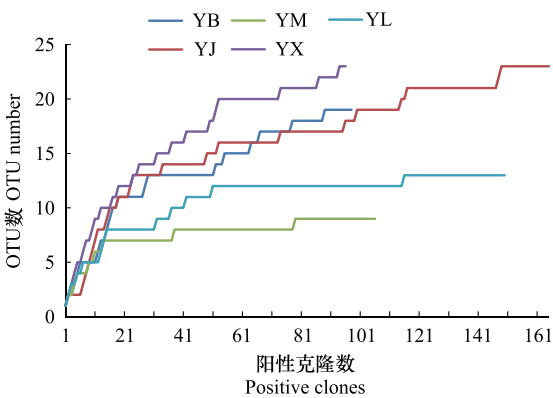


图 1 各生物土壤结皮样本的稀释性曲线

Fig.1 Rarefaction curve analysis for each sample

YB, YJ 和 YM 分别表示白茅群落、中华结缕草群落和木贼群落下的藓-藻混合结皮, YX 表示藻类结皮, YL 表示作为对照的无植物生长的裸地尾矿

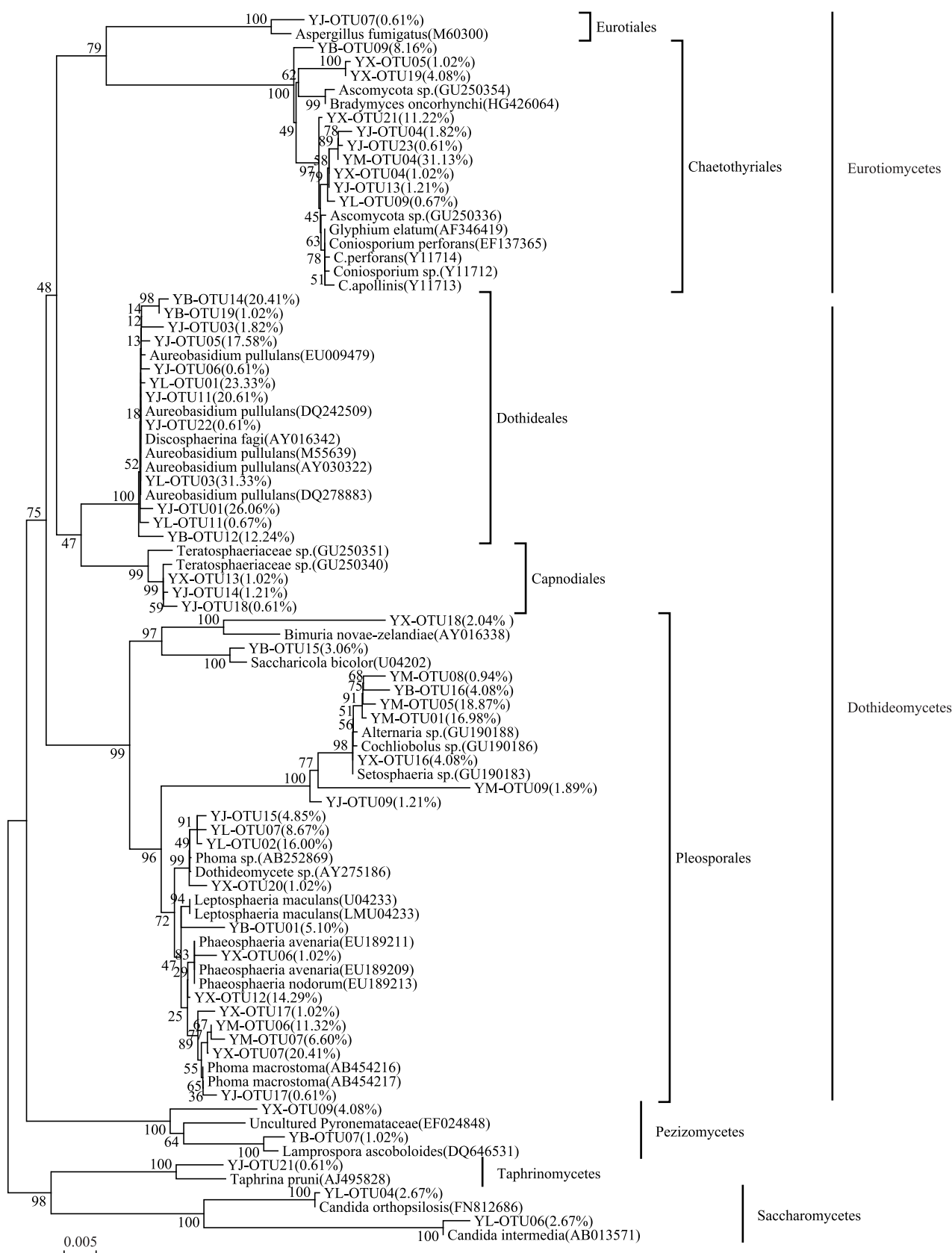


图 2 基于邻接法构建的 5 个生物土壤结皮的子囊菌门的系统发育树

Fig.2 Neighbour-joining phylogenetic tree of phylum Ascomycota in 5 BSCs samples

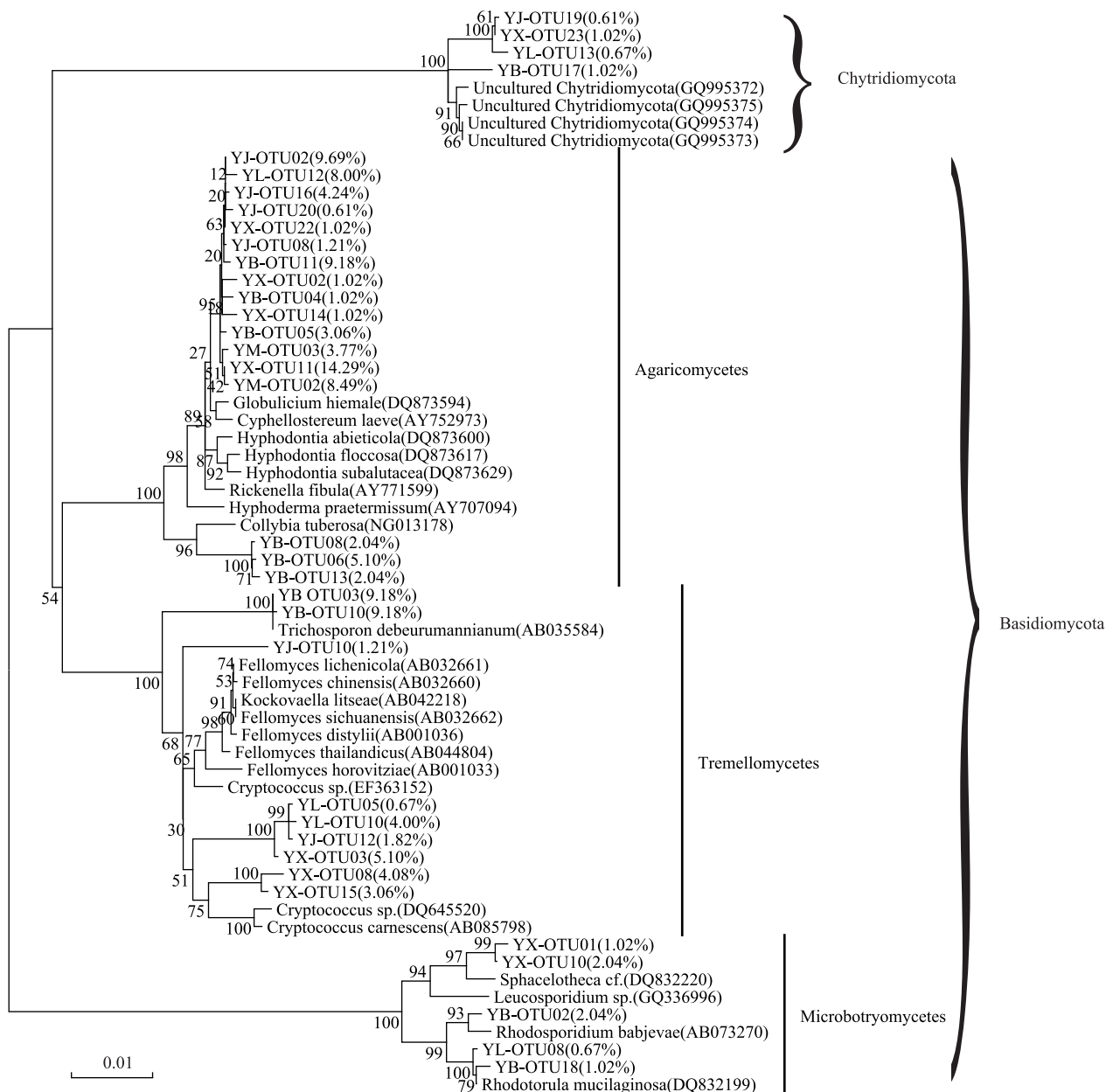


图3 基于邻接法构建的5个生物土壤结皮的担子菌门和壶菌门的系统发育树

Fig.3 Neighbour-joining phylogenetic tree of phyla Basidiomycota and Chytridiomycota in 5 BSCs samples

不同生物土壤结皮中的烧失量、总氮和有效磷含量表现出一定的差异,生长在植物群落下的生物土壤结皮和苔藓生物土壤结皮中的烧失量、总氮和有效磷含量高于裸地处。不同区域的生物土壤结皮在有效态 Cu 和 Zn 含量上无差异,但生长在白茅群落中的生物结皮中(YB)有效态 Pb 含量显著高于裸地处(YL)。生长在铜尾矿废弃地表面的生物结皮中较高是有效态 Cu、Zn 和 Pb 主要与尾矿本身含有较高的重金属有关。

2.3 影响生物土壤结皮中真菌多样性及结构的因素

NMDS 图(图4)显示不同植物群落与演替阶段均对真菌的群落结构产生影响,其中不同植物群落下真菌群落结构随着轴2分离,不同的演替阶段下真菌群落结构沿着轴1发生变化。通过 CCA 分析(图5)发现这种真菌群落结构变化并不是主要由尾矿的基质化学性质影响的,同时真菌群落多样性指数与化学性质均无显著的相关性(表3)。

表 2 生物结皮下表层尾矿的主要化学性质(平均值±标准差,n=4)
Table 2 Chemical properties in tailings under BSCs (mean±Std, n=4)

样品 Samples	pH	烧失量 Loss-on-ignition/ (g/kg)	总氮 Total nitrogen/ (mg/kg)	有效磷 Available phosphorus/ (mg/kg)	有效态 Cu Available Cu/ (mg/kg)	有效态 Pb Available Pb/ (mg/kg)	有效态 Zn Available Zn/ (mg/kg)
YB	7.76±0.03a	12.29±3.57a	52.24±27.69ab	17.73±3.52b	30.19±7.25a	2.67±0.86b	18.33±5.82a
YJ	7.75±0.10a	14.47±7.10ab	169.15±81.19ab	17.35±3.52b	25.96±10.52a	1.70±0.17ab	16.50±5.02a
YM	7.65±0.17a	23.76±11.25b	127.47±97.54ab	19.06±5.70b	43.98±21.28a	1.88±1.17ab	14.94±2.13a
YX	7.59±0.10a	11.63±5.39a	200.94±197.21b	15.25±4.61ab	43.14±14.87a	1.99±0.65ab	15.72±4.43a
YL	7.67±0.23a	4.82±1.06a	5.56±9.36a	9.94±2.46a	40.41±9.34a	0.88±0.41a	15.77±3.54a

同列数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著

3 讨论

在所分析的 5 个生物土壤结皮样本中,共检测出隶属于 3 个门的真菌(即子囊菌门、担子菌门和壶菌门),而构成沙漠生物结皮的其他门类真菌(如接合菌门 Zygomycota)^[15]未被检出,也许与 DNA 提取或 PCR 扩增所用的引物偏好性有关^[8]。在检出的真菌中,子囊菌门真菌在所有样本中均占优势(55.12%—87.73%),其次为担子菌门(12.27%—43.86%),壶菌门相对丰度最低(≤1.02%),这一结果与在其他干旱、半干旱区域得到的结果基本一致^[8,16-17],但与安曼、北美和以色列沙漠生物结皮中的研究结果有所不同。毛乌素沙漠的生物结皮中子囊菌门仅占了全部真菌总数的 58%^[8],而在安曼、北美及以色列沙漠生物结皮中子囊菌所占的比例均在 90% 以上^[18-20]。赵宇龙等^[8]认为土生物壤结皮中子囊菌门所占比例的差异这可能与地理位置、环

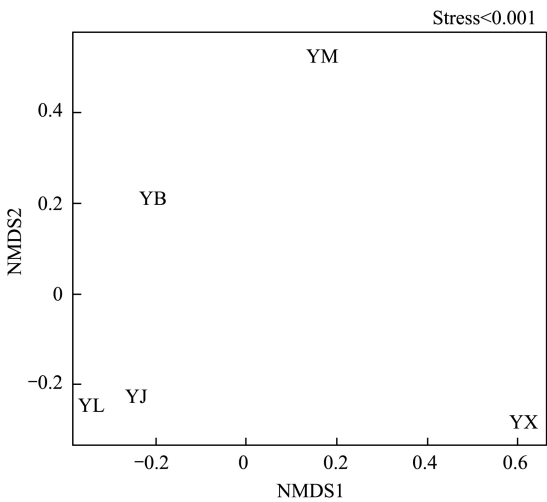


图 4 5 种生物土壤结皮真菌群落结构的 NMDS 分析
Fig.4 NMDS plot for fungal community structure in 5 BSCs samples

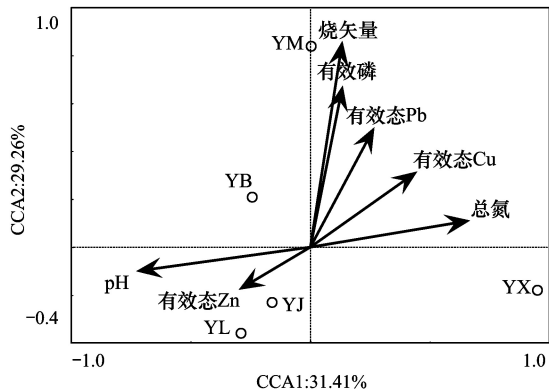


图 5 真菌群落结构与环境因子的典范相关分析
Fig.5 Canonical correlation analysis (CCA) for fungal community structure with environmental variables

	Axis1	Axis2	r ²	Pr(>r)
pH	-0.9879	-0.1554	0.621	0.342
烧失量	0.1576	0.9875	0.785	0.242
总氮	0.9829	0.1839	0.545	0.442
有效磷	0.1668	0.9860	0.523	0.458
有效态Cu	0.8215	0.5702	0.366	0.642
有效态Pb	0.4195	0.9077	0.254	0.700
有效态Zn	-0.8493	-0.5279	0.165	0.800

境因素和发育阶段等因素有关。另一方面,不同生物土壤结皮中真菌群落结构的差异可能与不同结皮所形成的微环境有关^[16,19]。Abed 等^[18]发现在安曼的沙漠生物结皮中格孢菌目占绝对优势。而本研究中,生长于木贼群落下的结皮和藓类结皮中黄色真藓(*Bryum pallescens*)在结皮中的相对丰度明显高于而其他三种类型的

结皮,而藻类在结皮中的相对盖度则表现相反,Abed 等^[18]的研究发现以蓝细菌占优势的结皮与以地衣占优势的结皮在真菌群落结构方面存在显著差异。

表 3 生物土壤结皮中真菌多样性指数和主要化学性质的相关性分析

Table 3 Correlation analysis (Pearson correlation) between fungus diversity indexes and main chemical properties

多样性指数 Diversity indexes	相关性 Correlation	pH	烧失量 Loss-on-ignition	总氮 Total nitrogen	有效磷 Available phosphorus	有效态 Cu Available Cu	有效态 Pb Available Pb	有效态 Zn Available Zn
OTUs	Pearson 相关性	0.176	-0.323	0.525	0.079	-0.551	0.329	0.464
	显著性(双侧)	0.777	0.596	0.364	0.899	0.336	0.589	0.431
Shannon-Wiener 指数	Pearson 相关性	0.112	-0.249	0.346	0.204	-0.360	0.682	0.656
	显著性(双侧)	0.858	0.686	0.568	0.742	0.552	0.205	0.229
Pielou 指数	Pearson 相关性	-0.011	-0.148	0.317	0.259	-0.179	0.761	0.598
	显著性(双侧)	0.986	0.812	0.604	0.674	0.773	0.135	0.287
Simpson 指数	Pearson 相关性	0.102	-0.121	0.317	0.318	-0.291	0.797	0.666
	显著性(双侧)	0.871	0.846	0.604	0.602	0.635	0.106	0.220

使用主要化学性质的均值与各真菌多样性指数做 Pearson 线性相关

从优势属的层面通过与 GenBank 比对,在 5 个样本所检测出的系列中,隶属于子囊菌门和单子菌门的真菌分别有 17 属和 12 属,在属的水平本研究中真菌的多样性低于 Negev 沙漠的 49 属^[15]和安曼沙漠生物结皮中的 44 属^[18]。尽管本研究中的某些优势属(如 *Coniosporium*、*Phaeosphaeria*、*Alternaria*、*Phoma* 和 *Cryptococcus* 等)在沙漠生物结皮中也广泛分布,但在沙漠生物土壤结皮中占优势的 *Chaetomium*、*Penicillium*、*Ulocladium*、*Fusarium* 等属^[8,15,17-18]在本研究中并未检测出;而本研究中的优势属如子囊菌门的 *Discosphaerina* 和单子菌门的 *Rickenella*、*Globulicium* 和 *Trichosporon* 等在沙漠生物结皮中未检出或并不占优势。Grishkan 等^[15]发现 *Phoma* 属的物种仅在某些湿度较高区域的生物结皮中占优势,而本研究中地势较洼、含水量较高的木贼群落下的生物结皮中 *Phoma* 属的物种的相对丰度反而低于含水量较低的裸地处(图 1),另外在毛乌素沙漠的生物结皮中利用分子生物学手段并未检测出该属^[8]。研究发现 *Aureobasidium* 属在以蓝细菌占优势的生物结皮中占优势^[18],本研究中该属也是在结缕草群落和裸地处以蓝细菌为主的藻类结皮中占优势。

早期对铜尾矿废弃地上生物结皮的研究表明^[12,21]植物群落能提高尾矿中的有机物质和营养物质,但与干旱、半干旱区域的生物结皮相比,本研究中生物结皮中的总氮含量低于生长在沙漠中表层土壤^[22],这也表明所研究铜尾矿废弃地在氮素含量方面仍表现非常贫瘠。本研究并没有显示出真菌群落多样性和结构与所检测样本的化学性质的相关性,显然植物构建后化学因素的微量改善可能并不是造成生物土壤结皮中真菌群落结构改变的主要因素。尽管有研究表明土壤中 C 以及 C/N 比率能够影响真菌组成^[23],但本研究中营养贫瘠的裸地处真菌多样性比生长在营养较为丰富的木贼群落下生物结皮中具有更高的生物多样性。裸地中较高的真菌多样性表明裸地中所含有的少量养分能够满足这些真菌的需求^[16],白茅、中华结缕草和木贼三种维管植物群落下生物结皮中真菌多样性的差异,表明了植物群落类型对生物结皮真菌多样性的影响是非常显著的。研究表明,来自植物的凋落物及其分解产物能够影响生物结皮中真菌的结构和多样性^[17],同时不同植物群落所形成的不同的环境条件(微生境)也会影响生物结皮中真菌的结构和多样性^[16]。另一方面,生物土壤结皮的演替过程也是造成真菌群落结构改变的又一因素。不同演替阶段的生物土壤结皮对尾矿的土壤发生过程起到不一样的作用,例如藻类结皮能向体外分泌以多糖为主的物质^[24]能够促进真菌的生长,死亡的藻体也能够给真菌生长提供有机物质,而苔藓结皮的形成也进一步地加速了尾矿风化的速度并累积风尘物质包括植物的一些必要元素包括 P、K 等^[24],这些都可能是改变生物土壤结皮的重要因素。因此本研究中不同样本真菌群落结构和多样性的差异可能受维管植物群落类型、微地形、结皮类型(藻类结皮、藓类-藻类混合结皮和藓类结皮)以及基本理化性质等多重影响。

4 结论

生活于铜陵铜尾矿表面的生物土壤结皮中的真菌主要隶属于子囊菌门和担子菌门,子囊菌门占绝对优势;不同样本真菌群落结构在门、纲、目以及属的水平存在显著差异;生物土壤结皮中真菌群落的结构与多样性与基质化学性质之间无显著的相关性;生物土壤结皮中真菌群落结构和多样性的差异与维管植物群落类型以及演替阶段不同的生物土壤结皮的类型有关。

参考文献 (References):

- [1] 房世波, 冯凌, 刘华杰, 张新时, 刘建栋. 生物土壤结皮对全球气候变化的响应. 生态学报, 2008, 28(7): 3312-3321.
- [2] 吴玉环, 高谦, 程国栋. 生物土壤结皮的生态功能. 生态学杂志, 2002, 21(4): 41-45.
- [3] 张鹏, 李新荣, 贾荣亮, 胡宜刚, 黄磊. 沙坡头地区生物土壤结皮的固氮活性及其对水热因子的响应. 植物生态学报, 2011, 35(9): 906-913.
- [4] 张鹏, 李新荣, 张志山, 潘艳霞, 刘艳梅, 苏洁琼. 腾格里沙漠东南缘生物土壤结皮的固氮潜力. 应用生态学报, 2012, 23(8): 2157-2164.
- [5] 卜楠, 朱清科, 王蕊, 郑慧, 安彦川. 陕北黄土区生物土壤结皮抗冲性研究. 北京林业大学学报, 2009, 31(5): 96-101.
- [6] 苏延桂, 李新荣, 陈应武, 谭会娟, 贾荣亮. 生物土壤结皮对荒漠土壤种子库和种子萌发的影响. 生态学报, 2007, 27(3): 938-946.
- [7] 杨晓晖, 张克斌, 赵云杰. 生物土壤结皮——荒漠化地区研究的热点问题. 生态学报, 2001, 21(3): 474-480.
- [8] 赵宇龙, 张晓军, 金一获, 冯福应. 毛乌素沙漠生物土壤结皮真菌群落多样性分析. 内蒙古农业大学学报: 自然科学版, 2011, 32(2): 170-174.
- [9] 刘艳梅, 李新荣, 赵昕, 张鹏, 回嵘. 生物土壤结皮对荒漠土壤线虫群落的影响. 生态学报, 2013, 33(9): 2816-2824.
- [10] 刘梅, 赵秀侠, 詹婧, 高毅, 阳贵德, 孙庆业. 铜陵铜尾矿废弃地生物土壤结皮中的蓝藻多样性. 生态学报, 2011, 31(22): 6886-6895.
- [11] 詹婧, 阳贵德, 孙庆业. 铜尾矿废弃地生物土壤结皮固氮微生物多样性. 应用生态学报, 2014, 25(6): 1765-1772.
- [12] Sun Q Y, An S Q, Yang L Z, Wang Z S. Chemical properties of the upper tailings beneath biotic crusts. Ecological Engineering, 2004, 23(1): 47-53.
- [13] 中国科学院南京土壤研究所. 土壤理化分析. 上海: 上海科学技术出版社, 1978.
- [14] Zhou J Z, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62(2): 316-322.
- [15] Grishkan I, Zaady E, Nevo E. Soil crust microfungi along a southward rainfall gradient in desert ecosystems. European Journal of Soil Biology, 2006, 42(1): 33-42.
- [16] Steven B, Gallegos-Graves L V, Yeager C, Belnap J, Kuske C R. Common and distinguishing features of the bacterial and fungal communities in biological soil crusts and shrub root zone soils. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 69: 302-312.
- [17] Bates S T, Nash III T H, Sweat K G, Garcia-Pichel F. Fungal communities of lichen-dominated biological soil crusts: Diversity, relative microbial biomass, and their relationship to disturbance and crust cover. Journal of Arid Environments, 2010, 74(10): 1192-1199.
- [18] Abed R M M, Al-Sadi A M, Al-Shehi M, Al-Hinai S, Robinson M D. Diversity of free-living and lichenized fungal communities in biological soil crusts of the Sultanate of Oman and their role in improving soil properties. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 57: 695-705.
- [19] Bates S T, Garcia-Pichel F. A culture-independent study of free-living fungi in biological soil crusts of the Colorado Plateau: their diversity and relative contribution to microbial biomass. Environmental Microbiology, 2009, 11(1): 56-67.
- [20] States J S, Christensen M. Fungi associated with biological soil crusts in desert grasslands of Utah and Wyoming. Mycologia, 2001, 93(3): 432-439.
- [21] Liu W Q, Song Y S, Wang B, Li J T, Shu W S. Nitrogen fixation in biotic crusts and vascular plant communities on a copper mine tailings. European Journal of Soil Biology, 2012, 50: 15-20.
- [22] 杨航宇, 刘艳梅, 王廷璞. 荒漠区生物土壤结皮对土壤酶活性的影响. 土壤学报, 2015, 52(3): 654-664.
- [23] Bennett L T, Kasel S, Tibbitts J. Woodland trees modulate soil resources and conserve fungal diversity in fragmented landscapes. Soil Biology and Biochemistry, 2009, 41(10): 2162-2169.
- [24] 张元明, 王雪芹. 荒漠地表生物土壤结皮形成与演替特征概述. 生态学报, 2010, 30(16): 4484-4492.