

DOI: 10.20103/j.stxb.202309282103

王玉珍, 杨耀权, 周发平, 张欣, 杨晓燕, 肖文. 澜沧江流域捕食线虫真菌空间分布格局及其驱动机制. 生态学报, 2024, 44(20): 9264-9273.

Wang Y Z, Yang Y Q, Zhou F P, Zhang X, Yang X Y, Xiao W. Spatial distribution pattern and driving factors of nematode-trapping fungi in Lancang River Basin. Acta Ecologica Sinica, 2024, 44(20): 9264-9273.

澜沧江流域捕食线虫真菌空间分布格局及其驱动机制

王玉珍¹, 杨耀权¹, 周发平¹, 张欣¹, 杨晓燕^{1,2,3,*}, 肖文^{1,2,3,4}

¹ 大理大学东喜马拉雅研究院, 大理 671003

² 大理大学三江并流区域生物多样性保护与利用云南省创新团队, 大理 671003

³ 中国三江并流区域生物多样性协同创新中心, 大理 671003

⁴ 云南省高校洱海流域保护与可持续发展研究重点实验室, 大理 671003

摘要: 为明晰历史因素和当代环境因子对流域内微生物空间分布格局的相对重要性, 在澜沧江流域内系统布设 76 个样区, 每个样区内采集陆地土壤和水体底泥样品各 5 份, 使用纯培养和单孢分离法获得样品中的捕食线虫真菌 (NTF) 纯培养物, 再结合形态学和分子生物学方法对 NTF 进行鉴定。通过等距离及按古金沙江与古澜沧江的交汇点为界限的两种方式对澜沧江上中下游进行划分, 以此来探究历史因素和当代环境因子对 NTF 空间分布格局的相对影响。从 760 份样品中共分离得到 3 属 31 种 566 株 NTF, 总样品检出率和香农威纳指数分别为 49.74% 和 2.54。澜沧江流域内样品检出率和物种丰富度与环境因子均无显著的相关关系, 而澜沧江流域内 NTF 存在极显著的距离衰减关系 ($P < 0.005$)。两种划分方式下的 NTF 分布模式相似, 上下游与部分环境因子出现显著的相关关系, 中游仍无显著的相关关系 ($P > 0.05$), 但历史划分下的中游 NTF 出现显著的距离衰减关系 ($P < 0.05$); 且中游的 NTF 与金沙江上游的物种相似性都较高 (0.57 和 0.59), 上游间则较低 (均为 0.46)。结果表明, NTF 在澜沧江流域内存在空间分布格局, 古金沙江与古澜沧江的混流历史 (历史因素) 是关键驱动因子, 等距划分流域会模糊历史因素对流域内微生物空间分布格局的影响, 而考虑河流演化历史更容易发现此规律。

关键词: 流域; 历史因素; 当代环境因素; 空间分布格局; 距离衰减关系

Spatial distribution pattern and driving factors of nematode-trapping fungi in Lancang River Basin

WANG Yuzhen¹, YANG Yaoquan¹, ZHOU Faping¹, ZHANG Xin¹, YANG Xiaoyan^{1,2,3,*}, XIAO Wen^{1,2,3,4}

¹ Institute of Eastern-Himalaya Biodiversity Research, Dali University, Dali 671003, China

² The Provincial Innovation Team of Biodiversity Conservation and Utility of the Three Parallel Rivers Region From Dali University, Dali 671003, China

³ Collaborative Innovation Center for Biodiversity and Conservation in the Three Parallel Rivers Region of China, Dali 671003, China

⁴ The Key Laboratory of Yunnan Education Department on Er'hai Catchment Conservation and Sustainable Development, Dali 671003, China

Abstract: To clarify the relative importance of historical and contemporary environmental factors on the spatial distribution pattern of microorganisms in a river basin, this study systematically established 76 sample sites within Lancang River. From each site, five samples from each of terrestrial soil and aquatic sediment were collected. Samples sprinkling and single spore isolation methods were used to isolate Nematode-Trapping Fungi (NTF) from the samples, followed by identification of NTF using morphological and molecular biology methods. The upper, middle, and lower reaches of the Lancang River were divided by equidistance and the intersection point where the ancient Jinsha River into the ancient Lancang River as the boundary to explore the relative influence of historical factors and contemporary environmental factors on the spatial

基金项目: 国家自然科学基金项目 (32360002, U1602262, 31360013)

收稿日期: 2023-09-28; 网络出版日期: 2024-07-29

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yangxy@eastern-himalaya.cn

distribution pattern of NTF. A total of 566 NTF representing 31 species and 3 genera were isolated from 760 samples, with a total detection rate and Shannon-Werner index of 49.74% and 2.54, respectively. Neither the detection rate nor species richness showed significant correlations with environmental factors. However, there was a significant distance decay relationship ($P < 0.005$) in the similarity of NTF within the basin. The NTF distribution patterns were similar under the two division models. The NTF in the upper reaches and the lower reaches had significant correlation with several environmental factors, but no significant correlation in the middle reaches ($P > 0.05$). NTF in the middle reaches showed significant distance attenuation under historical division ($P < 0.05$). The species similarity between the middle reaches of Lancang River and the upper reaches of the Jinsha River was higher (0.57 and 0.59, respectively), while it was lower (both 0.46) between their upper reaches. The results showed that there was a spatial distribution pattern of NTF in the Lancang River basin, mixed flow history of ancient Jinsha River and ancient Lancang River (historical factors) were the key driving factors, and equidistant division of basins may obscure the impact of historical factors on the spatial distribution pattern of microorganisms in the basin, this pattern can be more easily discovered by considering the evolutionary history of rivers.

Key Words: basin; historical factors; contemporary environmental factors; spatial distribution pattern; relationship of distance decay

微生物是地球物质循环和能量流动最重要的驱动者和平衡者,是维持生态系统稳定的重要组成部分,因此,微生物的空间分布格局及其驱动机制成为了生态学研究的核心科学问题之一^[1-3]。与动植物相比,个体微小、数量庞大、种群复杂的微生物更容易受到生物与非生物环境的协同作用,其分布格局研究也因此面临更大的挑战^[4-5]。随着研究技术的不断革新,针对不同空间尺度、不同生境中微生物分布格局的研究陆续开展,但针对微生物是否存在空间格局、格局呈现模式及驱动机制的研究结论却各不相同^[6-7]。有研究者提出,以流域为单元开展研究更有利于发现微生物的空间分布格局^[8-9],因为流域是一个相对独立、具有明显边界的物理单元,流域内的生物多样性分布是历史因素(地质历史-包括地理变迁、气候变化等因素,生物种群和群落的演化历史、人类历史和文化历史)和流域内的当代环境因素(温度、湿度、降水量、季节性变化等,地形和地貌-地表形态、地表特征等,土壤-土壤类型、pH、养分含量等)及生物因素共同作用的结果^[10-12]。在随后针对不同流域及不同流域尺度下开展的捕食线虫真菌(Nematode-Trapping Fungi, NTF)空间分布格局研究发现,NTF的空间分布格局能很好的体现流域内干支流、水陆和上下游差异^[13-15]。但这些研究也都未能很好的回答历史和当代因素对微生物空间分布格局影响的相对重要性。

整理现有的研究不难发现,在研究流域内微生物的分布格局及驱动机制时,等距离划分流域长度并提取相应样点数据进行分析是常见手段,这种划分方法忽略了流域的演化历史,所得信息就会模糊历史因素对微生物空间分布格局的作用。比如,张欣等对金沙江流域内 NTF 多样性格局开展的研究,就按流域长度等距离划分来分析多样性格局及其驱动机制,这种等距离划分方式使雅砻江汇入点被划分在中游末端,也就无法更准确评估历史因素和当代因素的相对重要性^[13]。因此,需要在一条流域演化历史清晰、大型河流的交汇发生在中游上部、生物多样性高和环境异质强的流域内开展研究,才可能更好的分析历史和当代因素对微生物分布格局的相对影响。

在我国的滇西北地区,发源于青藏高原的澜沧江、金沙江和怒江在横断山区形成了著名的三江并流奇观,该区域是世界生物多样性热点区域之一。历史上,金沙江经丽江石鼓南流并于洱海流域与澜沧江汇合,再汇入红河,最终流入南海。随着印度板块和亚欧板块间的碰撞,青藏高原快速隆升及亚洲板块右旋,导致金沙江改道东流,最终注入东海,而澜沧江则径直向南流入印度洋^[16-19]。这样的演化历史必然使澜沧江流域中下游微生物的组成中含有金沙江的上游物种。同时,三江并流区的澜沧江和金沙江各自奔流于高山峡谷间,它们的上游物种很难因物种扩散而产生相互影响。此外,澜沧江在云南省内长 1247 km,流域面积为 8.86 km²,纬度跨度大(21°38'—28°33' N),其生物多样性极高^[20-22]。这都为更好评估历史因素(流域演化历史)和当代

因素对微生物空间分布格局的相对贡献提供了理想的天然实验场地。

因此,在前期团队已经完成金沙江流域 NTF 数据分析的基础上,本研究拟分别以等距离划分和根据古金沙江汇入澜沧江的交汇点划分澜沧江流域的上中下游,探究澜沧江流域的 NTF 空间分布格局。分析不同划分方式下澜沧江上中下游 NTF 与金沙江上游的物种相似性和距离衰减关系,及澜沧江流域内整体和不同流域区段 NTF 样品检出率和物种丰富度与环境因子的相互关系。本研究将明确澜沧江流域 NTF 的空间分布格局,回答历史与当代因素对澜沧江流域内 NTF 空间分布格局的相对贡献。研究结果将能弥补微生物空间分布格局研究的不足,为其他生物多样性分布格局及其驱动机制研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

在云南省澜沧江流域内,系统布设 76 个样区,每个样区采集水体底泥和陆地土壤样品各 5 份,共采集 760 份样品,其采样方法见本课题组已发表的文章^[13-15]。将采集后的样品置于一次性无菌的自封袋中,用油性记号笔记录样品编号、采样时间、海拔、经纬度、水或陆等样品信息后,密封、低温带回实验室进行 NTF 的分离检测。

1.2 澜沧江流域区段的划分

按照流域的长度将云南省澜沧江流域等距离划分上中下游(下文简称等距划分),并根据各样区的经纬度、海拔等信息在 QGIS 3.32.1 软件中绘制澜沧江的样区布设图。采用 ArcMap 10.8 将澜沧江历史地理图系与现今的地理图系进行地理重合,以古金沙江汇入澜沧江的位置为上中游的分界位点(下文简称历史划分)^[16],具体划分情况见图 1。

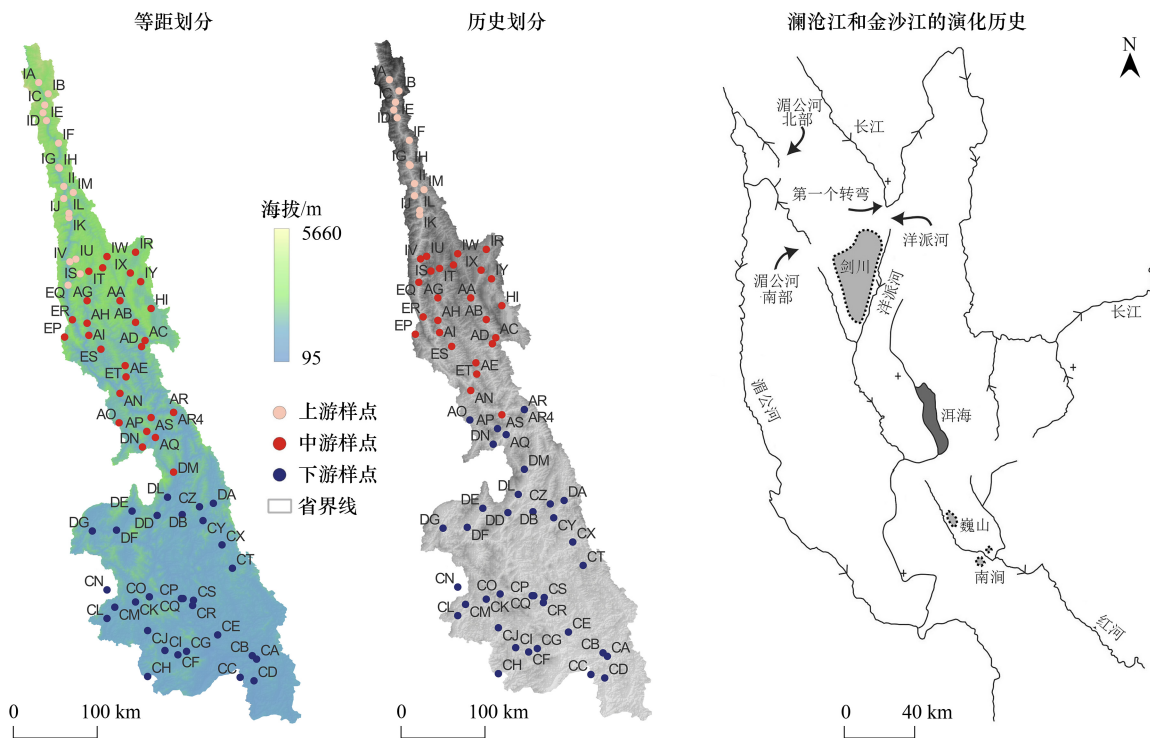


图 1 样区布设示意图

Fig.1 Schematic diagram of sampling sites

1.3 培养基的制备

本研究所使用的培养基均参照文献进行配置^[23]。主要为玉米琼脂培养基(Corn meal agar medium,

CMA)、土豆琼脂培养基(Potato dextrose agar medium, PDA)及燕麦培养基(Oatmeal agar, OA)。其中,CMA用于NTF的分离培养、鉴定;PDA用于NTF菌株的富集培养;OA用于诱饵线虫培养。

1.4 诱饵线虫的制备

本研究所用诱饵线虫为全齿复活线虫(*Panagrellus redivivus*)。将线虫接入无菌的OA中,于26.5℃的培养箱中培养一周,待线虫爬壁后即可用贝尔曼氏漏斗法制备线虫悬液(浓度约为2500条/mL),备用^[23]。

1.5 NTF的分离纯化

诱饵平板法^[23]:用五点撒样法将0.5—1g土壤样品散布于直径为90mm的CMA平板上,待撒样完成后向每个平板中加入2mL线虫悬液促进NTF的萌发,每份样品设置3个平行。将样品平板置于室温下孵育4周,在体视显微镜下镜检,当观察到NTF分生孢子时,用单孢挑离法挑取单个分生孢子,转接于直径为60mm的CMA平板中,并置于26.5℃恒温培养箱中培养,重复此操作,直至获得纯培养物。

1.6 NTF的鉴定

1.6.1 形态学鉴定

采用粘片法或插片法制作NTF临时装片^[24],于奥林巴斯BX53微分干涉显微成像系统(40×)下拍摄NTF形态学特征(分生孢子、分生孢子梗、厚垣孢子等)。同时,于带有观察室的CMA^[23]中诱导NTF的捕食器官并观察记录类型^[25],参照《Nematode-Trapping Fungi》^[23]进行形态学鉴定。

1.6.2 分子生物学鉴定

将经PDA富集培养后的NTF菌丝,用真菌基因组DNA快速抽取试剂盒(生工生物工程有限公司,上海,中国)提取真菌基因组DNA,用ITS4-ITS5^[26]、526F-1567R^[27]和6F-7R^[28]引物分别扩增ITS、EF1- α 和RPB2片段,参照《分子克隆实验指南》^[29]用琼脂糖凝胶电泳法对PCR产物进行检测,最后将扩增后样品委托上海铂尚生物技术有限公司进行测序。测序结果使用SeqMan软件对所得序列进行拼接,并将拼接完成的序列导入NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)中,使用BLAST工具进行相似性比较,根据结果鉴定物种。

1.7 数据处理

(1)计算NTF的样品检出率和物种检出率

样品检出率(OF)=(检出NTF的样品数/总样品数) $\times 100\%$

物种检出率(S_{OF})=(检出某物种的样品数/总样品数) $\times 100\%$

(2)采用Shannon-Wiener指数和Jaccard相似指数分别计算NTF的物种多样性指数和水陆生境间的物种相似性。

(3)应用R 4.3.1中的“vegan”包和“geosphere”包对样区内的物种进行距离衰减关系分析,并使用“ggplot2”包、“ggpubr”包、“ggpmisc”包和“export”包进行相关性分析及绘图。

(4)于陆地—大气相互作用研究小组网站(<http://global-change.bnu.edu.cn>)下载地理环境因子(经度、纬度和海拔)和土壤理化因子(总磷、总钾、总氮和有机质);于earthenv(<http://www.earthenv.org/>)和NASA的MOD11A1 v061(https://developers.google.com/earth-engine/datasets/catalog/MODIS_061_MOD11A1#bands)中下载物候环境因子(年均温和年降雨量)。结合样区内的样品检出率及物种多样性进行Mantel test分析。Mantel test分析关系图使用R 4.3.1中的“vegan 2.6.4”包和“ggplot2 3.4.2”包绘制。

2 结果与分析

2.1 澜沧江流域内NTF的物种检出情况

在澜沧江流域内,共检出3属31种566株NTF,样品检出率为49.74%,物种多样性指数为2.54。两种划分方式下各流域区段的检出物种、样品检出率和物种多样性指数无明显差异,具体检出结果见表1。

2.2 澜沧江流域内水陆及上中下游间NTF的物种相似性

在澜沧江流域的陆地土壤中共分离得到3属27种307株NTF,样品检出率为50.53%,物种多样性指数

为 2.56;水体底泥中共分离得到 3 属 24 种 259 株,样品检出率为 48.95%,物种多样性指数为 2.45,水陆生境间物种相似性指数为 0.65。等距划分和历史划分下,各流域区段间和水陆间的物种相似性及物种分布差异不大,具体数据如图 2 所示。

表 1 两种划分方式下澜沧江流域捕食线虫真菌的检出情况

Table 1 Nematode-trapping fungi detection in Lancang River Basin under two classification methods

流域区段 Watershed sector		等距划分 Equidistant partition			历史划分 Historical division		
		检出物种 Detection result	样品检出率/% Detection rate	物种多样性指数 Shannon weiner index	检出物种 Detection result	样品检出率/% Detection rate	物种多样性指数 Shannon weiner index
整体 All	上游	3 属 19 种 144 株	58.82	2.10	3 属 19 种 122 株	61.54	2.16
	中游	3 属 20 种 182 株	44.14	2.33	3 属 19 种 172 株	47.69	2.24
	下游	3 属 24 种 240 株	50.00	2.57	3 属 24 种 272 株	47.03	2.58
陆地 Terrestrial	上游	3 属 15 种 79 株	61.18	2.00	3 属 14 种 66 株	63.08	2.01
	中游	2 属 18 种 93 株	40.69	2.35	2 属 17 种 92 株	45.38	2.32
	下游	3 属 22 种 135 株	54.00	2.56	3 属 22 种 149 株	49.73	2.56
水体 Aquatic	上游	2 属 15 种 65 株	56.47	2.02	2 属 15 种 56 株	60.00	2.11
	中游	3 属 17 种 89 株	47.59	2.24	3 属 16 种 80 株	50.00	2.06
	下游	3 属 20 种 105 株	46.00	2.48	3 属 20 种 123 株	44.32	2.30

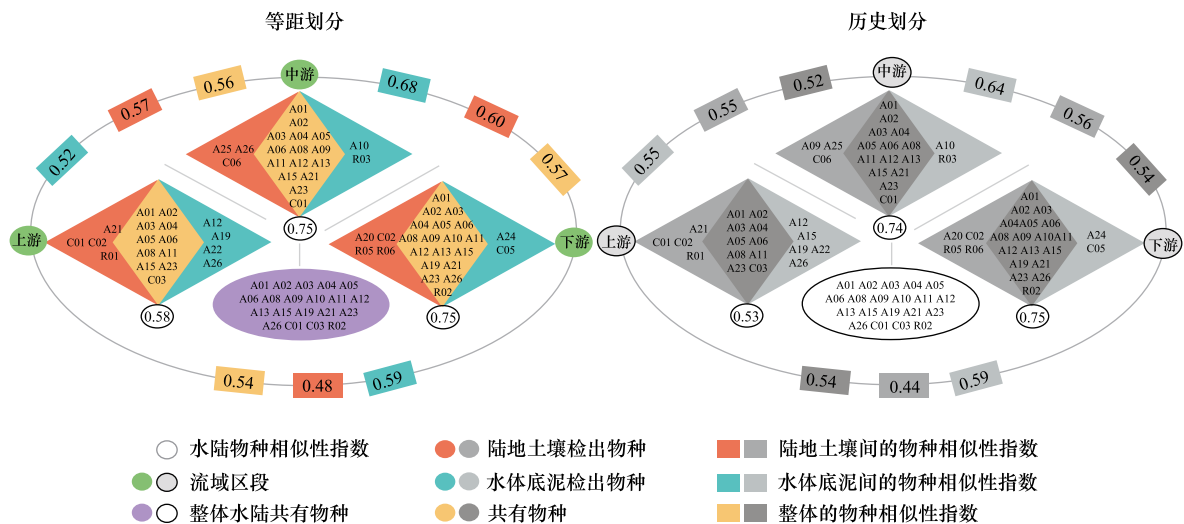


图 2 两种划分方式下澜沧江水陆及上中下游间的捕食线虫真菌物种相似性

Fig.2 Nematode-trapping fungi species similarity between terrestrial soil and aquatic sediment and upper, middle and lower reaches of Lancang River under two classification methods

A.为 *Arthrotrrys* 属的缩写; Dac.为 *Dactylellina* 属的缩写; Dre.为 *Drechlerella* 属的缩写; A01 全称为 *A. oligospora*; 少孢节丛孢; A02 全称为 *A. superba*; 多孢节丛孢; A03 全称为 *A. musiformis*; 弯孢节丛孢; A04 全称为 *A. cystosporium*; 囊孢单顶孢; A05 全称为 *A. conoides*; 圆锥节丛孢; A06 全称为 *A. thaumasia*; 奇妙单顶孢; A08 全称为 *A. oudemansii*; 秀丽单顶孢; A09 全称为 *A. sphaeroides*; 球形单顶孢; A10 全称为 *A. globosporum*; 球状单顶孢; A11 全称为 *A. eudermata*; 厚皮单顶孢; A12 全称为 *A. rutgeriense*; 狂带单顶孢; A13 全称为 *A. vermicola*; 蠕虫状节丛孢; A15 全称为 *A. fusiformis*; 纺锤形单顶孢; A19 全称为 *A. microsphaoides*; 小舟单顶孢; A20 全称为 *A. botryospora*; 葡萄孢节丛孢; A21 全称为 *A. longiphorum*; 长梗单顶孢; A22 全称为 *A. yunnanensis*; 云南节丛孢; A23 全称为 *A. xiangyunensis*; 祥云单顶孢; A24 全称为 *A. arthrotrryoides*; 葡萄串状节丛孢; A25 全称为 *A. scaphoides*; 无中文名称; A26 全称为 *A. javanica*; 爪哇节丛孢; C01 全称为 *Dac. haptotyla*; 竖黏单顶孢; C02 全称为 *Dac. elliposporum*; 椭圆单顶孢; C03 全称为 *Dac. cionopaga*; 柱捕单顶孢; C05 全称为 *Dac. drechleri*; 掘氏单顶孢; C06 全称为 *Dac. leptospora*; 长孢隔指孢; R01 全称为 *Dre. dactyloides*; 指状节丛孢; R02 全称为 *Dre. bembicodes*; 陀螺单顶孢; R03 全称为 *Dre. inquisitor*; 原生单顶孢; R05 全称为 *Dre. coelobrochum*; 空环单顶孢; R06 全称为 *Dre. aphrobrochum*; 泡环单顶孢

2.3 澜沧江各区段与古金沙江上游的 NTF 物种相似性

两种划分方式下,澜沧江中游与金沙江上游的物种相似性均较高,分别为 0.57 和 0.59,但澜沧江上游与金沙江上游的物种相似性则较低(均为 0.46),具体分析结果见表 2。

表 2 两种划分方式下澜沧江各流域区段与金沙江上游区段的捕食线虫真菌物种相似性

Table 2 Nematode-trapping fungi species similarity between various sections of the Lancang River Basin and the upper reaches of the Jinsha River under two partitioning methods

分段 Section	等距划分 Equidistant partition	历史划分 Historical division
上游区段 Upper reaches	0.46	0.46
中游区段 Middle reaches	0.57	0.59
下游区段 Lower reaches	0.48	0.48

金沙江的数据来源于参考文献^[11]

2.4 澜沧江流域内 NTF 的距离衰减关系

以澜沧江最北端的样区为原点,绘制 NTF 的距离衰减关系。结果显示,在澜沧江流域内,随着距离的增加,样区间的物种相似性逐渐降低,呈现出极显著的距离衰减关系($P < 0.005$)。等距划分的澜沧江流域上游和中游区段均没有显著的距离衰减关系($P < 0.5, P < 1$),而下游区段具有显著的距离衰减关系($P < 0.01$);按演化历史划分的澜沧江流域上游和下游区段均没有显著的距离衰减关系($P < 0.5$),而中游区段存在显著的距离衰减关系($P < 0.05$),如图 3 所示。

2.5 澜沧江流域内 NTF 与环境因子间的相关性

与环境因子的相关性分析显示,在排除各环境因子的自相关关系后,所选的环境因子对澜沧江流域内 NTF 的整体样品检出率和物种丰富度均无显著影响。但分别将上、中、下游区段与环境因子进行相关性分析后发现,两种划分方式下的中游区段仍与各环境因子无显著的相关性,而上、下游区段与部分环境因子间存在显著的相关性。在等距划分中,上下游的经纬度、年降雨均与 NTF 间存在着显著的相关关系;在历史划分中,上下游的年降雨与 NTF 间存在着显著的相关关系,具体情况如图 4 所示。

3 讨论

整体上,澜沧江流域内的 NTF 分布存在明显的空间分布格局,即:从上游至下游,NTF 的多样性逐渐增加,样品检出率呈现先降低后增加的趋势,水陆间物种分布存在差异,流域内 NTF 整体呈现极显著($P < 0.005$)的距离衰减关系。这种分布模式很好的体现了流域属性,比如,从扩散模式上看,受流域水体源-汇模式的影响,在连续的流域环境中,流域上游的物种会随着水体不断往下扩散与汇集,中下游的物种多样性也因此逐渐增加,这与相关研究吻合^[6,14-15]。另一方面,澜沧江下游区域地势较为平坦、物候条件温和,为微生物的停留和定殖提供了较好的生存条件,因此,澜沧江下游区域成为了整条流域内 NTF 多样性最为丰富的区域。而水陆间的物种分布差异体现了陆地作为微生物生长繁殖的大本营,水作为传播载体的基本特征。但从 Mantel test 分析结果来看,澜沧江流域内主要环境因子与 NTF 的样品检出率和物种丰富度却无明显的相关关系,即当代环境因子无法解释澜沧江流域内 NTF 的空间分布格局。

通过了解澜沧江流域演化历史发现,历史上金沙江上游曾与澜沧江中游交汇^[30-31],因此本研究依据 Clark 等的研究^[16],将历史上金沙江与澜沧江的交汇点和澜沧江与红河的汇入点重新划分澜沧江流域上中下游,再对比分析等距离划分的结果。结果显示,两种划分方式下,澜沧江流域内的 NTF 空间分布格局相似,这一方面是由于两种划分方式下,只有 11 个样点的归属发生变化,由此导致的检测数据变化不明显。结合已有流域微生物空间分布格局的研究结果^[6,13,15]可知,流域内物种的空间分布格局是相对稳定的,它不会因分析方式的变化而改变。但流域的演化历史应能影响微生物的空间分布格局,只是相对当代环境因子的重要性需要进一步分析。

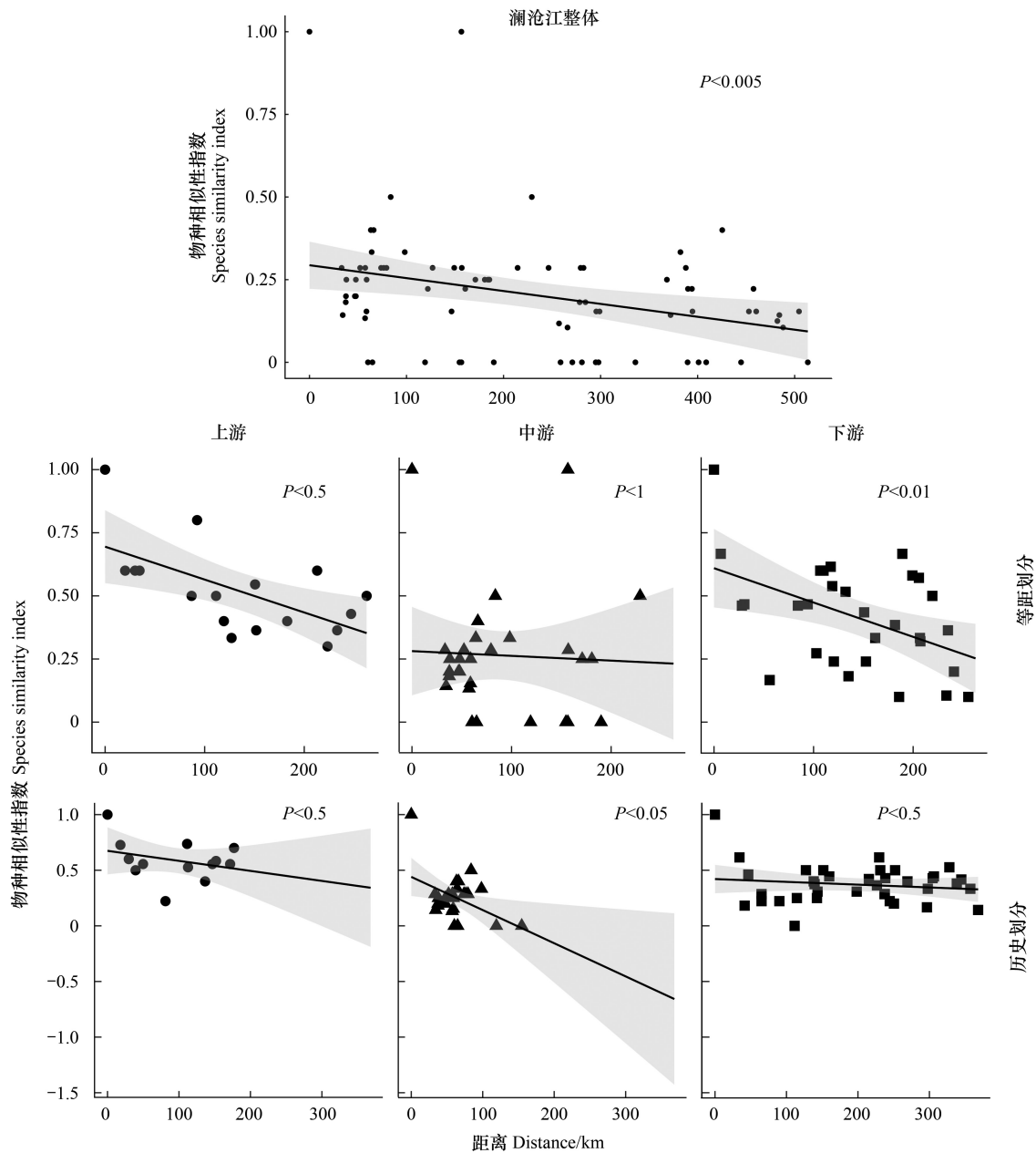


图3 澜沧江流域捕食线虫真菌的距离衰减关系

Fig.3 Distance decay relationship of nematode-trapping fungi within the Lancang River

阴影部分表示 95%的置信区间

在纳入金沙江上游 NTF 的数据并将其与澜沧江各区段的物种相似性进行比较后,发现澜沧江上游 NTF 与金沙江上游的相似度都较低(均为 0.46),但中游与金沙江上游的物种相似性却较高(0.57,0.59),甚至略大于澜沧江流域内的物种相似性。同时,在不同划分方式下,澜沧江各区段 NTF 的距离衰减关系发生了变化,按历史划分的澜沧江中游 NTF 存在显著的距离衰减关系($P < 0.05$)。这说明古金沙江的汇入历史影响了澜沧江 NTF 的分布格局。而邓巍等^[8]居于云南省 NTF 广布种 *Arthrobotrys oligospora* 的系统发育分析结果也显示,在金沙江和澜沧江分布的 *A. oligospora* 菌株多聚在一个支系,这很好的支持了本研究结果,即古金沙江与澜沧江的交汇历史显著影响了澜沧江中游乃至下游的 NTF 分布格局。此外,两种划分方式下,澜沧江中游 NTF 的样品检出率与物种丰富度均与环境因子无显著的相关关系,但上游和下游 NTF 与部分环境因子存在

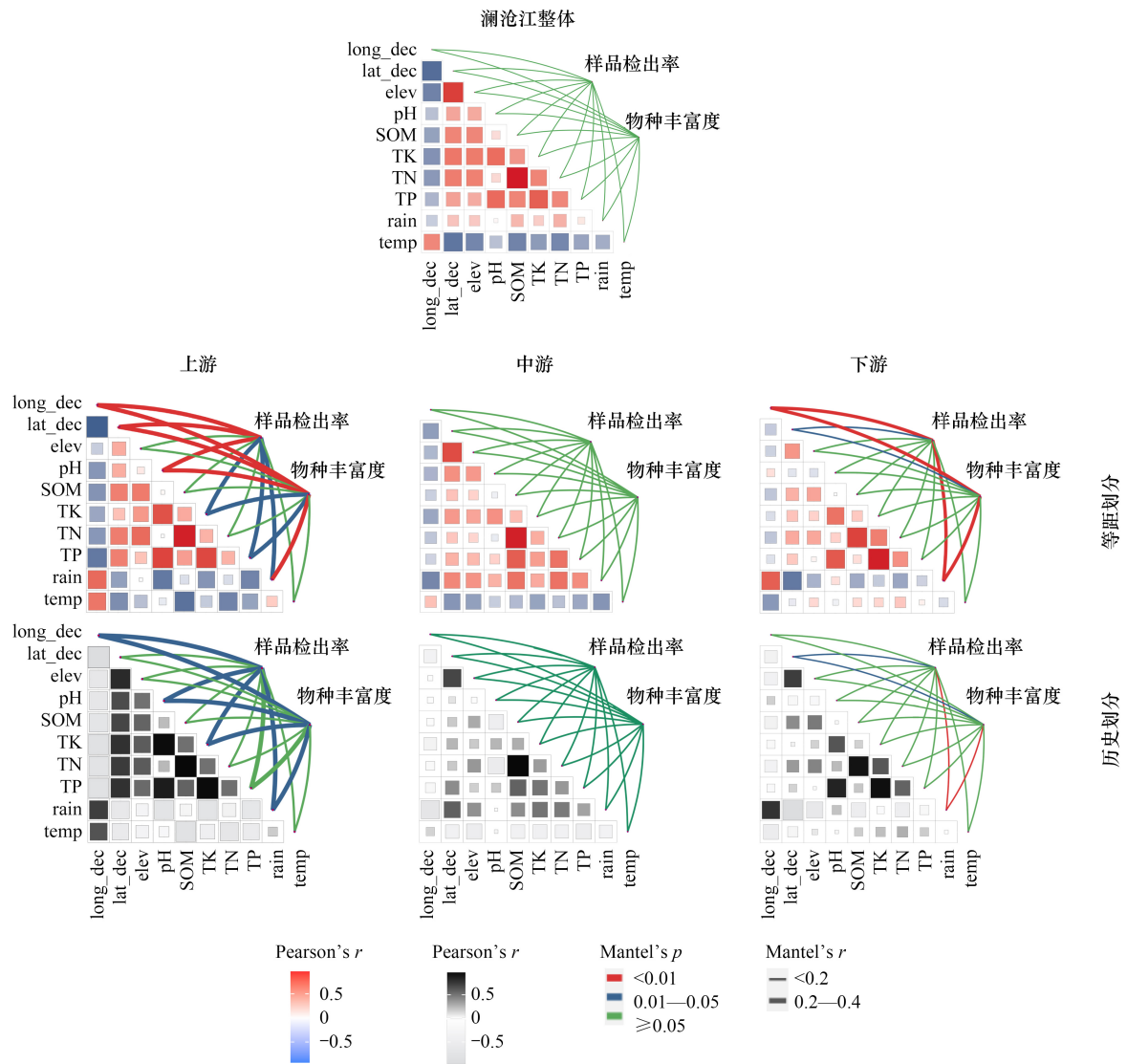


图4 澜沧江内的捕食线虫真菌物种分布与环境因子间的相关性

Fig.4 Correlation between nematode-trapping fungi species distribution and environmental factors within the Lancang River

long_dec: 经度 Longitude; lat_dec: 纬度 Latitude; elev: 海拔 Elevation; SOM: 有机质 Organic matter; TK: 总钾 Total potassium; TN: 总氮 Total nitrogen; TP: 总磷 Total phosphorus; rain: 年降雨 Annual rainfall; temp: 年均温 Average annual temperature

显著的相关关系。这说明金沙江的汇入历史弱化了 NTF 分布与环境因子的相互作用关系,而等距离划分流域会模糊历史因素对流域内微生物空间分布格局的影响。

值得注意的是,由于微生物个体太过微小,留下化石证据的概率比较小,且微生物的繁殖速度比较快,更易受其他生物和非生物生境的协同作用,导致生物地理学的研究多依赖动植物化石开展^[32-34]。许多居于动植物开展的生物地理学研究也都已经证明了青藏高原隆起过程对动植物分布格局的影响^[35-39]。Zhu 等对云南植物的研究也发现了金沙江流域与红河流域存在历史相关性^[40],而本研究不仅再次证明以流域为单元开展微生物多样性分布格局研究的科学性,也提示微生物生物地理学的研究需要被关注。

4 结论

本研究发现 NTF 在澜沧江流域内存在空间分布格局,明确古金沙江与古澜沧江的汇流历史影响了澜沧江流域中下游 NTF 的分布格局,其混流历史模糊了当代环境因素对流域内 NTF 分布格局的影响。因此,在以

流域为生物多样性分布格局的研究单元时,需要充分考虑流域的演化历史。

致谢: 中国科学院昆明动物研究所陈锦辉老师在样品采集中给予帮助,特此致谢。

参考文献 (References):

- [1] Balsler T C. Linking Soil Microbial Communities and Ecosystem Functioning. Berkeley: University of California, 2000.
- [2] 褚海燕, 冯毛毛, 柳旭, 时玉, 杨腾, 高贵锋. 土壤微生物生物地理学: 国内进展与国际前沿. 土壤学报, 2020, 57(3): 515-529.
- [3] Widder S, Allen R J, Pfeiffer T, Curtis T P, Wiuf C, Sloan W T, Cordero O X, Brown S P, Momeni B, Shou W, Kettle H, Flint H J, Haas A F, Laroche B, Kreft J U, Rainey P B, Freilich S, Schuster S, Milferstedt K, Meer J R, Großkopf T, Huisman J, Free A, Picioreanu C, Quince C, Klapper I, Labarthe S, Smets B F, Wang H, Newton I, Soyer O S. Challenges in microbial ecology: building predictive understanding of community function and dynamics. *The ISME Journal*, 2016, 10(11): 2557-2568.
- [4] Bruns T D. The developing relationship between the study of fungal communities and community ecology theory. *Fungal Ecology*, 2019, 39: 393-402.
- [5] Martinez-Garcia R, Tarnita C E, Bonachela J A. Spatial patterns in ecological systems: from microbial colonies to landscapes. *Emerging Topics in Life Sciences*, 2022, 6(3): 245-258.
- [6] 张欣, 邓巍, 朱娅佼, 杨晓燕, 肖文, 李娜. 大盈江捕食线虫真菌空间分布格局. 大理大学学报, 2022, 7(12): 96-100.
- [7] 邓巍, 王家亮, 刘李蕾, 房以好, 刘硕然, 杨晓燕, 肖文. 坡向尺度差异对大理苍山捕食线虫真菌分布格局的影响. 生态学报, 2019, 39(17): 6452-6459.
- [8] Deng W, Zhang F, Li Y P, Zhang X, Fornacca D, Yang X Y, Xiao W. Uncovering the biogeographic pattern of the widespread nematode-trapping fungi *Arthrobotrys oligospora*: watershed is the key. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1152751.
- [9] 赵斌. 流域是生态学研究的最佳自然分割单元. 科技导报, 2014, 32(1): 12.
- [10] Oliveira U, Vasconcelos M F, Santos A J. Biogeography of Amazon birds: rivers limit species composition, but not areas of endemism. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 2992.
- [11] Shen J, Yin R, Zhang S, Algeo T J, Bottjer D J, Yu J, Xu G, Penman D, Wang Y, Li L, Shi X, Planavsky N J, Feng Q, Xie S. Intensified continental chemical weathering and carbon-cycle perturbations linked to volcanism during the Triassic-Jurassic transition. *Nature Communications*, 2022, 13(1): 299.
- [12] 黄艺, 黄木柯, 柴立伟, 赵嫣然. 干旱半干旱区土壤微生物空间分布格局的成因. 生态环境学报, 2018, 27(1): 191-198.
- [13] 张欣, 齐宇坤, 张发, 邓巍, 杨晓燕, 肖文. 金沙江流域捕食线虫真菌空间分布格局及其驱动机制探究. 长江流域资源与环境, 2023, 32(3): 498-506.
- [14] 张欣, 邓巍, 朱娅佼, 李娜, 肖文, 杨晓燕. 澜沧江两条支流捕食线虫真菌水陆分布差异及关联性. 生态学报, 2022, 42(12): 5059-5066.
- [15] 张欣, 张发, 邓巍, 杨晓燕, 李娜, 肖文. 三江并流区澜沧江干流捕食线虫真菌的水陆分布模式探究. 水生态学杂志, 2023, 44(6): 128-135.
- [16] Clark M K, Schoenbohm L M, Royden L H, Whipple K X, Burchfiel B C, Zhang X, Tang W, Wang E, Chen L. Surface uplift, tectonics, and erosion of eastern Tibet from large-scale drainage patterns. *Tectonics*, 2004, 23(1): 1-20.
- [17] 刘芬良. 晚新生代金沙江下游段地貌演化与河谷发育研究[D]. 兰州大学, 2018.
- [18] 杨达源, 韩志勇, 葛兆帅, 胥勤勉, 陈可峰, 徐永辉, 李郎平, 黄典, 鹿化煜. 金沙江石鼓-宜宾河段的贯通与深切地貌过程的研究. 第四纪研究, 2008(4): 564-568.
- [19] 张岳桥, 杨农, 陈文, 马寅生, 孟晖. 中国东西部地貌边界带晚新生代构造变形历史与青藏高原东缘隆升过程初步研究. 地学前缘, 2003(4): 599-612.
- [20] 伍立群. 云南省河流与水资源. 人民长江, 2004(5): 48-50.
- [21] 何大明. 澜沧江——湄公河水文特征分析. 云南地理环境研究, 1995(1): 58-74.
- [22] 顾纯, 李小龙, 张胜邦, 唐云. 澜沧江——一条南流大江的魅力. 森林与人类, 2019(8): 24-29.
- [23] Zhang K Q, Hyde K D. *Nematode-Trapping Fungi*. Dordrecht, Netherlands: Springer, 2014.
- [24] 苏鸿雁, 李明, 刘晓轩. 捕食线虫真菌玻片制作方法的改进. 大理学院学报(自然科学), 2006(6): 25-26, 30.
- [25] 雷丽萍, 李天飞, 夏振远, 刘杏忠, 高仁恒. 一种诱导和观察捕食线虫真菌捕食器官的简易方法. 吉林农业大学学报, 1998, (S1): 130.
- [26] White T J, Bruns T, Lee S, Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR protocols: a guide to methods and applications*, 1990, 18(1): 315-322.
- [27] O'Donnell K, Kistler H C, Cigelnik E, Plötz R C. Multiple evolutionary origins of the fungus causing Panama disease of banana: concordant

- evidence from nuclear and mitochondrial gene genealogies. *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 1998, 95(5): 2044-2049.
- [28] Liu Y J, Whelen S, Hall B D. Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. *Molecular biology and evolution*, 1999, 16(12): 1799-1808.
- [29] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. *Molecular cloning: a laboratory manual*. Cold spring harbor laboratory press, 1989.
- [30] Zhang Z J, Bai Z M, Wang C Y, Teng J W, Lü Q T, Li J L, Liu Y F, Liu Z K. The crustal structure under Sanjiang and its dynamic implications: Revealed by seismic reflection/refraction profile between Zhefang and Binchuan, Yunnan. *Science in China Series D: Earth Sciences*, 2005, 48: 1329-1336.
- [31] Fan C, Wang E, Su Z. Stream evolution of the southeastern margin of the Tibetan Plateau: A case study of the Jinsha-Red River system. *Journal of Asian Earth Sciences*, 2024: 106069.
- [32] 武富礼, 李文厚, 李玉宏, 席胜利. 鄂尔多斯盆地上三叠统延长组三角洲沉积及演化. *古地理学报*, 2004, (3): 307-315.
- [33] 周江羽, 王江海. 青藏高原东缘古近纪粗碎屑岩沉积学及其构造意义. *地质学报*, 2003, (2): 262-271.
- [34] Massonne T, Böhme M, Mayr G. A tarsometatarsus from the upper Eocene Na Duong Basin-the first Palaeogene fossil bird from Vietnam. *Alcheringa: An Australasian Journal of Palaeontology*, 2022, 46(3-4): 291-296.
- [35] Yue X K, Yue J P, Yang L E, Li Z M, Sun H. Systematics of the genus *Salweenia* (Leguminosae) from Southwest China with discovery of a second species. *Taxon*, 2011, 60(5): 1366-1374.
- [36] Yue L L, Chen G, Sun W B, Sun H. Phylogeography of *Buddleja crispa* (Buddlejaceae) and its correlation with drainage system evolution in southwestern China. *American Journal of Botany*, 2012, 99(10): 1726-1735.
- [37] Zhang T, Sun H. Phylogeographic structure of *Terminalia franchetii* (Combretaceae) in southwest China and its implications for drainage geological history. *Journal of Plant Research*, 2011, 124: 63-73.
- [38] Zhou Z, Gu B J, Sun H, Zhu H, Tan Y H. Molecular phylogenetic analyses of Euphorbiaceae tribe Epiprineae, with the description of a new genus, *Tsaiodendron* gen. nov, from south-western China. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 2017, 184(2): 167-184.
- [39] Ma H, Wang D X, Li T Q, Li Z H. Phylogeographic study of *Musella lasiocarpa* (Musaceae): providing insight into the historical river capture events. *Pakistan Journal of Botany*, 2019, 51(1): 191-199.
- [40] Zhu H, Tan Y H, Yan L C, Liu F Y. Flora of the savanna-like vegetation in hot dry valleys, southwestern China with implications to their origin and evolution. *The Botanical Review*, 2020, 86: 281-297.