

青海湖布哈河流域表土DNA浓度的 空间分布及影响因素

周科翰^{1,2}, 王夏青², 刘峰贵¹, 周 强¹, 万的军³, 吕飞亚², 黄平安²

(1. 青海师范大学地理科学学院, 西宁 810016; 2. 湖南文理学院地理科学与旅游学院, 常德 415000;

3. 南通大学地理科学学院, 南通 226019)

摘要: 沉积物DNA因可提供地理环境中带有时间刻度的生物动态信息, 被广泛应用于气候变化、生态功能及环境考古等方面的研究。但对该指标在流域范围内的地表过程及影响因素仍缺乏全面了解, 限制了沉积物DNA数据分析的准确性与合理性。本文以适宜DNA保存的青海湖西北部布哈河流域表土为载体, 通过提取表土DNA浓度并测定粒度、元素、烧失量和TOC等土壤理化特征, 结合气候、植被覆盖、土地利用等环境要素, 耦合分析该流域表土DNA浓度空间分布的非生物影响因素。结果表明: ① 布哈河流域表土DNA平均浓度为0.91 $\mu\text{g/g}$, 干流中游及支流吉尔孟河区域的DNA浓度最高, 而靠近湖区的布哈河下游段则含量较低; ② 该流域表土DNA浓度与其自身的黏粒和有机质含量呈正相关, 而与砂含量和风化淋溶强度呈负相关; ③ 高植被覆盖和频繁的放牧活动有助于DNA在土壤中的富集, 而暖湿环境下较强的风化淋溶、河流搬运、农耕活动则会降低土壤DNA浓度。上述结果为理解布哈河流域沉积物DNA的埋藏过程及影响因素提供了科学依据, 也为未来重建青海湖西侧沉积物DNA组成及区域生态环境、人地关系演变奠定了基础。

关键词: 沉积物DNA; DNA浓度; 影响因素; 布哈河流域; 青海湖

DOI: 10.11821/dlxb202311009

1 前言

源自于历史时期生物残留的古DNA, 为重塑不同地理区域古生物变迁、人类进化等提供了带有时间刻度的遗传信息^[1-2], 特别是高通量测序技术、DNA捕获技术和宏基因组分析的出现, 极大提升了古DNA分析的准确性和研究范围^[3]。相较于依赖古生物化石等载体只能获得单一物种的古DNA, 从历史时期埋藏的沉积物中提取的古DNA不仅可提供动物、植物、真核生物、原核生物和原核生物等极大生物分类学宽度的动态信息, 还可提供相关生物生存的地理环境信息^[4-6]。通过在永冻、干燥、厌氧、淋溶作用弱的环

收稿日期: 2023-01-17; 修订日期: 2023-10-16

基金项目: 国家自然科学基金项目(42167062, 42207511); 第二次青藏高原综合科学考察研究(2019QZKK0603); 青海省自然科学基金(2022-ZJ-920); 湖南文理学院博士科研启动基金(21BSQD33); 地理学应用特色学科资金(湘教通[2022]351号) [Foundation: National Natural Science Foundation of China, No.42167062, No.42207511; The Second Tibetan Plateau Scientific Expedition and Research Program, No.2019QZKK0603; Natural Science Foundation of Qianhai Province, No.2022-ZJ-920; PhD Research Startup Foundation of Hunan University of Arts and Science, No.21BSQD33; Fund of Geography Subject, No.[2022]351]

作者简介: 周科翰(1997-), 女, 湖南长沙人, 硕士, 主要研究方向为沉积物DNA与流域生态环境演变。

E-mail: charlottezhou256@163.com

通讯作者: 王夏青(1986-), 男, 山西昔阳人, 博士, 副教授, 主要研究方向为生态环境演变及人地关系。

E-mail: wangxq@huas.edu.cn

北极冻土区^[7-8]、欧洲高山湖泊流域^[9]、稀有的干燥洞穴^[10]等地理环境中开展沉积物古DNA研究,相关学者将古DNA指标广泛用于古气候和古环境重建^[7, 11-13]、生态系统及功能服务^[14-16]、物种变迁及环境效应^[8, 17-18]、农牧活动及人地关系演变^[9, 19]、环境考古及人类饮食^[10, 20-22]等研究中。例如, Kjaer等^[23]基于北格陵兰岛 Kap København 地层中的沉积物古DNA组成,发现了大块化石和孢粉组合未记录的生物遗存,重现了已消失的200万年前更温暖气候环境中一个开放的北方森林生态系统的演变。然而,国内的沉积物古DNA研究极为有限,中文文献更多是成果综述和展望^[22, 24-29],但也有与国外机构合作开展了植被更替、生态环境演变的部分研究^[7, 30-32],如高玉等通过与丹麦哥本哈根大学地质遗传中心合作开展的青藏高原环境考古的研究,基于考古遗址沉积物古DNA组成发现了水稻在青藏高原南部的传播路径^[33],并揭示了廓雄遗址的食物构成^[34]。近期, Zhang等^[35]基于太湖沉积物DNA组成重建了蓝藻群落近百年变化过程,指出微孢藻属丰度的变化主要受控于温度和风速等自然环境要素,进而削弱全球变暖背景下人们对湖泊富营养状况的改善效果。这均表明国内沉积物古DNA研究已逐渐起步^[30, 35]。

虽然沉积物古DNA指标可为理解中国不同气候环境下多样地理空间的生态环境演变及人地关系提供基因视角^[5, 28],但国际上对古DNA的数据解释仍存在诸多争议^[4]。例如, Giguët-Covex等^[36]分析了法国阿尔卑斯山北部 Anterne 湖泊现代沉积物DNA组成,虽该湖泊流域目前以羊群放牧为主,但在现代沉积物DNA中并未识别出羊的核外DNA。上述结果的出现源自对流域范围内沉积物DNA的地表过程未有清晰的认识^[4],限制了对DNA沉积过程的深入理解。目前,国际上对于沉积物DNA在流域范围内的地表过程仅形成以下两方面的初步共识。① 生物来源:湖内沉积物DNA部分来自于湖内生物的沉淀,陆源生物的输入主要集中于滨湖区、河流下游等。因此,沉积物DNA指代的陆源生物类别具有“本土”属性^[5]。② 输移和保存过程:土壤理化属性(如黏土和有机质含量、矿物组成)和河流水文特征(pH、氧化还原、河流连通度、电导率、离子浓度等)均影响流域表土DNA向湖内输移的比例和损伤状况^[36]。例如, Jia等^[32]研究表明100~500 $\mu\text{S}/\text{cm}$ 电导率和7~9 pH值的湖水环境是研究湖泊沉积物DNA的适宜环境。因此,在将沉积物DNA这一分子生物学指标应用到重建中国多样的第四纪生态环境之前,亟需开展不同气候和沉积环境下表土DNA埋藏过程及影响因素的对比分析,以期实现对不同时空背景下沉积物DNA组成的科学解释^[37-38]。

沉积物DNA浓度鉴定是基于DNA组成开展生物信息分析流程的首要环节,决定着后续实验开展的必要性^[25, 29]。而地处“地球第三极”青藏高原东北部青海湖盆地的布哈河流域,海拔高达3000 m以上,气候寒冷干燥,且DNA来源丰富、土地利用方式多样,是研究表土DNA地表过程的理想地理位置。因此,本文基于国内搭建的沉积物DNA实验平台,以布哈河流域表土为载体,分析该流域内表土DNA浓度的空间分布状况,并结合沉积物的理化组成、流域气候、植被和土地利用信息,揭示该流域表土DNA浓度的受控因素,为理解布哈河流域沉积物DNA的埋藏过程及其环境效应提供科学依据,也为国内沉积物古DNA指标在第四纪环境研究的广泛应用提供参考。

2 研究区概况

布哈河流域(36°15'N~38°20'N, 97°50'E~101°20'E)位于青藏高原东北端的青海湖盆地西北部,北临大通山,南临青海南山,东临日月山,西临阿木尼尼库山,流域面积为 $1.43 \times 10^4 \text{ km}^2$,海拔高度范围为3036~5068 m(图1)。布哈河发源于疏勒南山,流经天峻

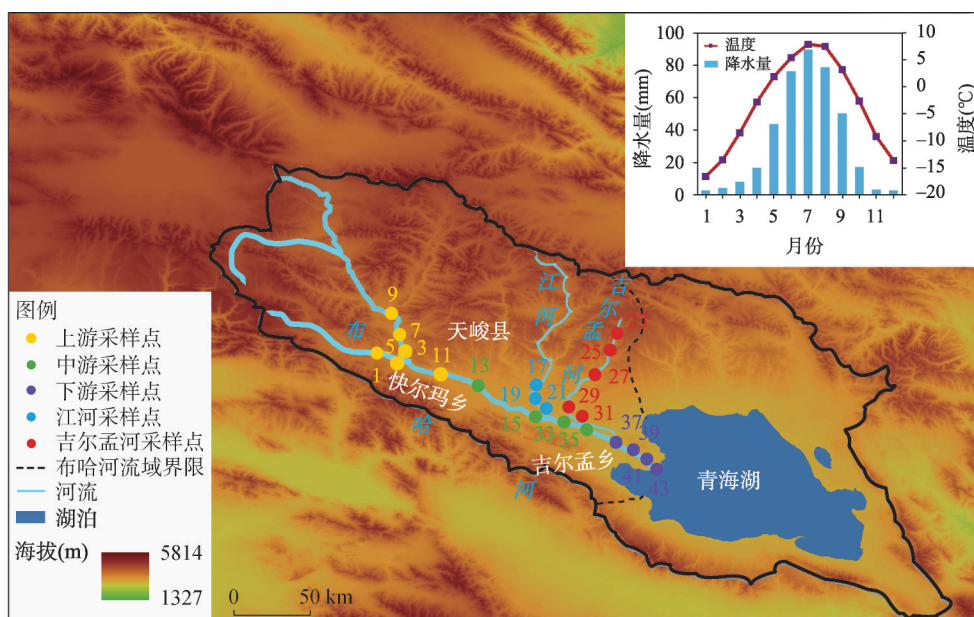


图1 青海湖布哈河流域地理位置及采样点分布

Fig. 1 Geographic location and the distribution of topsoil samples in the Buha River catchment, Qinghai Lake

县城和共和县吉尔孟乡等地,沿西北—东南方向汇入青海湖。根据布哈河流域地形地貌和海拔梯度变化,源头至快尔玛乡河段为布哈河上游,快尔玛乡至吉尔孟乡河段为中游,吉尔孟乡至汇入湖泊口的河段为下游^[39]。作为青海湖最大的入湖河流,布哈河干流长度286 km,主要支流有艾热盖河、希格尔曲、夏日格曲、江河、吉尔孟河等,年均径流量达 $9.08 \times 10^8 \text{ m}^3$,年均输沙量为 $3.61 \times 10^5 \text{ t}$,是青海湖西侧主要泥沙来源。布哈河水pH为8.22,盐度为0.09~0.13,其间含有大量碳酸盐,属于高盐度淡水水质^[40]。布哈河中主要鱼类为国家二级保护动物裸鲤,河水的淡水水质为裸鲤的季节性洄游提供了天然场所^[41]。布哈河流域属高原半干旱季风气候区,多年平均气温为 $-8.5 \sim 1.6 \text{ }^\circ\text{C}$,年均降水量为268~510 mm,5—9月降水量占全年降水的61.84% (图1),无霜期仅有95 d^[42]。流域内土壤类型多样,主要有高寒冻沙土、高寒草甸土、高寒草原土等^[43],呈季节性冻土,冷冻时长约为7个月(当年10月下旬到次年4月),最冷时冻土深度达1 m左右^[39]。流域内主要植被类型为高寒草甸、高寒草原、高寒流石坡稀疏植被等,优势种为蒿属植物。经实地调查,布哈河上游区域植被覆盖度较低,主要以草甸为主;中游区域河谷中常见低矮灌木丛(以沙棘丛为主),并在人类居住区伴有一些荒废的耕地;下游植被覆盖度最高,但更多被当地牧民整改为适用于放牧的高盖度草地。布哈河流域自古以来即为当地牧民的天然牧场,野生动物和家养畜牧动物种类丰富,主要有牦牛、绵羊、黄牛、普氏原羚、高原鼠兔等,放牧规模达70头/ km^2 以上,是当地居民的主要经济来源^[44]。

3 样品采集和实验方法

3.1 样品采集

基于对布哈河流域详细的野外调查,于2021年5—6月沿源头—入湖口方向在布哈河流域上游、中游、下游的干流河谷及主要支流江河、吉尔孟河等采集沿岸表土样品共22

个, 标记为单数号, 样品采集间隔大体为 15~20 km 左右。具体而言, 在布哈河上游采集样品 6 个、中游 4 个、下游 4 个、江河 3 个、吉尔孟河 5 个 (图 1)。样品采集后立即保存于 4 °C 的恒温冷藏柜中, 确保样品中的 DNA 后期无降解。因其中 6 个沿岸表土样品距离较近, 故选取间隔较为一致的 16 个土样开展表土 DNA 浓度分析。

3.2 表土 DNA 浓度测定

在 DNA 提取超净实验室, 先称取 5~10 g 土样装入 50 mL 离心管中, 以 1:2 的比例添加配备好的磷酸缓冲液 (phosphate buffer), 并摇匀 15 min 以分离土壤中吸附的 DNA^[46-47]。经过 10 min 离心后, 移取 4 mL 上清液至超滤离心管中进一步浓缩土壤样品中的 DNA。随后, 利用德国 Macherey-Nagel 公司生产的 NucleoSpin® 土壤 DNA 提取试剂盒 (Soil Kits), 完成 DNA 浓缩液提取、粘合、洗涤、干燥、DNA 洗脱的步骤^[4, 29, 48]。在此过程中, 加入空白控制样同步完成上述步骤, 以明确实验过程中的污染状况。具体而言, 经对超滤离心管 10 min 离心后, 生成至少 400 μ L 的 DNA 浓缩液; 在添加了 200 μ L 的 SB buffer 后, 高速离心 1 min 将浓缩液中的 DNA 粘合到滤膜上; 随后利用 SW1 和 SW2 buffer 对滤膜进行洗涤, 并通过 2 min 的高速离心干燥滤膜; 最后加入 SE buffer 将滤膜上的 DNA 洗脱到收集管中, 且冷冻保存在 -20 °C 的冷柜中, 便于后期分析。在完成了土壤样品 DNA 提取的基础上, 先根据凝胶电泳法利用 LabChip GX Touch 微流控毛细管电泳系统进行核酸完整度分析, 随后基于紫外分光光度法利用 NanoDrop 分光光度计测定各样品的 DNA 浓度, 测试误差小于 4%^[49]。最后, 基于下列公式对测定的 DNA 浓度值转换为质量浓度。

$$C_{\text{soil DNA}} = \frac{C_t \times L}{4 \times 1000 \times M_{\text{soil}}}$$

式中: $C_{\text{soil DNA}}$ 是土壤 DNA 的质量浓度 ($\mu\text{g/g}$); C_t 为测定的浓缩液中 DNA 浓度 ($\text{ng}/\mu\text{L}$); L 是超滤过程中 DNA 浓缩液体积 (μL); M_{soil} 是离心管中的土壤质量 (g)。

3.3 粒度、元素、烧失量和 TOC 分析

将所有表土样品冷冻干燥后, 过 20 目筛除去可见植物残体和大颗粒杂质。称取 0.4 g 左右的过筛土样并添加浓度为 10% 的双氧水 (H_2O_2) 和稀盐酸 (HCl) 分别去除土壤中的有机质和碳酸盐, 静置 48 h 后加入六偏磷酸钠 ($(\text{NaPO}_3)_6$) 分散剂, 利用英国马尔文公司生产的 Mastersizer 2000 激光粒度仪测定土壤样品的粒度组成, 测试误差小于 2%。随后, 利用玛瑙研钵将 5 g 过筛土样研磨至 200 目。取 0.6 g 研磨土样熔融后利用荷兰帕纳科公司生产的 Axios advanced (PW4400) X 荧光光谱仪定量分析样品的元素组成, 参数设置为 30 °C 的检测环境、750 Kpa 大气压及 Fuse09001-2 的分析方法, 随后利用不同元素组分间的比例计算淋溶系数 ($\beta = \text{Si}_2\text{O}/(\text{MgO} + \text{CaO} + \text{K}_2\text{O} + \text{Na}_2\text{O})$) 和化学蚀变指数 ($\text{CIA} = [\text{Al}_2\text{O}_3/(\text{Al}_2\text{O}_3 + \text{CaO} + \text{K}_2\text{O} + \text{Na}_2\text{O})] \times 100\%$)^[50]。表土样品的烧失量 (LOI) 利用煅烧法在马弗炉中完成。称取 1 g 研磨样品放置在干燥的瓷舟中, 在 550 °C 和 950 °C 恒定温度下分别煅烧 4 h 和 2 h, 利用高精度天平 (精度为 0.0001) 称量和计算各温度下损失的土壤重量。最后, 取 1 g 研磨土样添加 10% 稀盐酸去除样品中的无机碳后, 使用德国 Elementar 公司生产的 vario TOC cube 总有机碳分析仪测定土样的 TOC 含量, 测试偏差低于 10 %^[51]。

3.4 空间数据处理

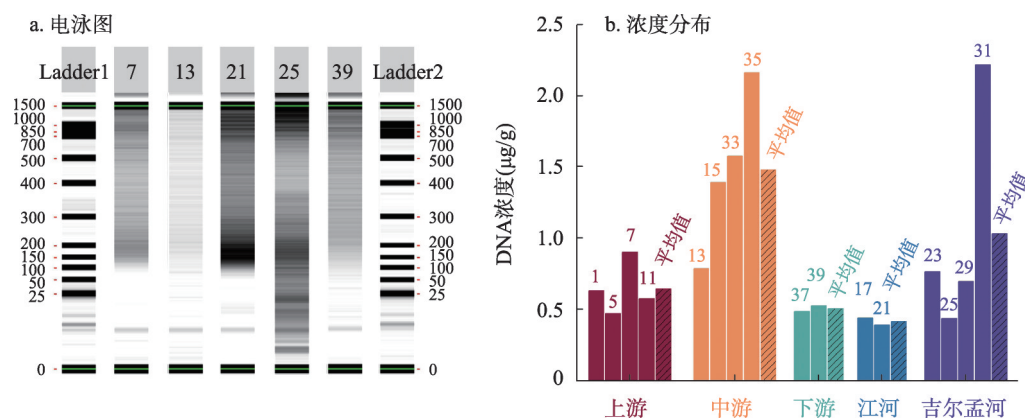
布哈河流域的 DEM 数据源自地理空间数据云 (<https://www.gscloud.cn/>) GDEM V1 30 m 分辨率数字高程数据, 基于 ArcGIS 10.7 软件调整色带和添加采样点、流域范围等矢量数据, 进而实现该流域空间范围的可视化; 布哈河流域的年均气温及降水数据来源

于WorldClim (<https://worldclim.org/>), 利用1970—2000年平均数据的栅格数据集构建流域范围的高分辨率气候分布; 流域范围的植被覆盖和土地利用空间数据来自于Landsat 8遥感影像, 在利用ENVI 5.3软件辐射定标、大气校正、波段选择、兴趣点选取等流程后, 在ArcGIS 10.7软件中掩膜提取并去除无效值背景。DNA浓度等指标的空间分布根据采样点的实际值, 利用ArcGIS 10.7软件的克里金法进行插值计算, 最后用掩膜提取切割出布哈河流域范围的分布面。

4 实验结果

4.1 表土DNA浓度分布

布哈河流域表土DNA浓度主要由两步骤确定, 即核酸完整度分析和浓度测定。核酸完整度分析主要用于检视表土中DNA的保存状况, 进而明确DNA的鉴别方法^[25]。选取干流上、中、下游及支流江河、吉尔孟河段各一个土样, 以其电泳图反映布哈河表土的核酸完整度和DNA保存状况。结果表明, 该区域表土的核酸电泳图均存在明显拖尾现象, 核酸组成存在较严重的降解(图2a), 不能用来直接识别DNA指示的生物类型。另一方面, 布哈河流域的表土DNA浓度范围为0.39~2.21 $\mu\text{g/g}$, 平均值为0.91 $\mu\text{g/g}$, 最高值和最低值分别出现在吉尔孟河和江河的汇入口(图2b), 可能与两个点的土地利用有关。就河段分布而言, 干流上、中、下游及支流江河、吉尔孟河表土的DNA平均浓度分别为0.65 $\mu\text{g/g}$ 、1.48 $\mu\text{g/g}$ 、0.51 $\mu\text{g/g}$ 、0.42 $\mu\text{g/g}$ 和1.03 $\mu\text{g/g}$ 。布哈河干流中游和支流吉尔孟河的表土DNA平均浓度明显高于其他河段分组, 这可能是地表植被覆盖、河流输移、核酸降解等共同作用的结果。



注：图b中数字为样品编号。

图2 布哈河流域表土DNA核酸电泳图和浓度分布

Fig. 2 The distribution of electrophoretic diagram of nucleic acid and soil DNA concentration in the Buha River catchment

4.2 表土颗粒组成

布哈河干流上、中、下游及支流江河、吉尔孟河的粒度特征以各段采样点表土颗粒组成的平均值替代, 其结果如图3所示。布哈河流域表土颗粒整体偏粗, 平均中值粒径为53.75 μm , 以粗粉砂为主。布哈河干流的颗粒组成表现出从上游到下游先变细后变粗特征, 这可能是不同物源的结果。具体而言, 干流上游河段表土中值粒径为72.9 μm , 以砂 ($> 63 \mu\text{m}$) 为主, 约占50.8%, 黏土含量极低且呈典型单峰状(图3a), 属黏土质砂土(图3b); 干流中游中值粒径为57.74 μm , 以粉砂为主, 约占49.4%, 峰值出现在粗粉

砂粒径范围,也呈单峰状,但黏土和细粉砂含量比上游表土含量高,属砂质黏土(图3b);相较于流上游和中游,下游表土中值粒径为73.95 μm 且粉砂和砂各占46%,属砂土(图3b),特别是其粒径分布呈典型的双峰状,在细粉砂和砂范围均出现一个峰值,这表明下游表土可能有两种物质来源。就主要支流而言,江河和吉尔孟河的中值粒径分别为60.65 μm 和36.3 μm ,表明更靠近下游的吉尔孟河表土比江河的颗粒细,粒级分布均以粉砂为主且呈单峰状(图3a),分别约占58.4%和48.4%,均为砂质黏土(图3b)。

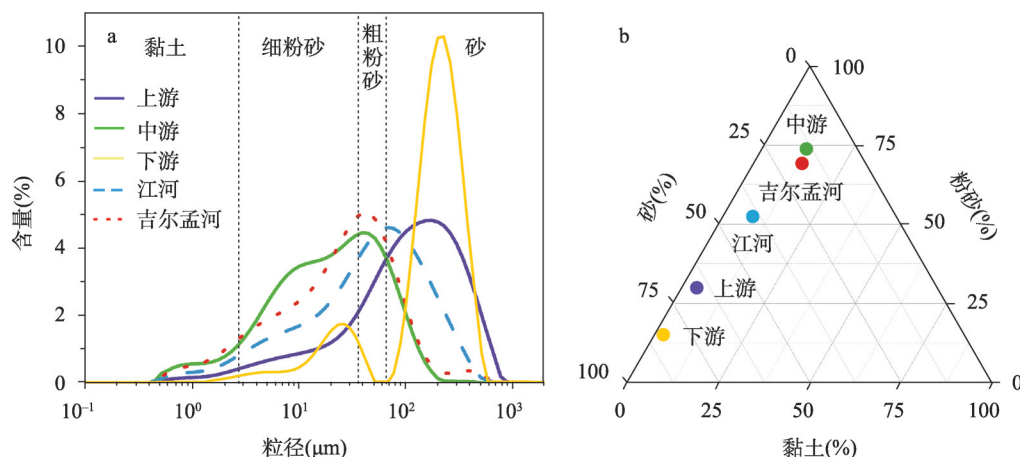


图3 布哈河流域表土的颗粒组成

Fig. 3 Particle composition of top soils in the Buha River catchment

4.3 表土元素含量

布哈河流域表土的常量元素和微量元素的含量及淋溶系数(β)和化学蚀变指数(CIA)等化学指标的结果如图4所示。总体而言,该区域表土的主要成壤元素如Si、Al、Mg、Ca、Na、K、Fe、Rb、Sr的含量范围分别为:51.48%~69.47%、7%~11.24%、1.37%~3.45%、2.76%~11.8%、1.76%~2.29%、1.45%~2.26%、2.12%~4.22%、0.04‰~0.09‰、0.15‰~0.45‰,平均值分别为58.28%、9.85%、2.25%、8.69%、2.02%、1.99%、3.55%、0.07‰、0.26‰,各元素在布哈河流域内的差异较为明显(图4)。在布哈河干流范围内,表土中Si、Al、Fe、K、Rb等稳定元素含量在上游河段的平均含量分别为59.24%、9.11%、3.28%、1.84%、0.07‰;中游为58.05%、9.71%、3.55%、1.97%、0.07‰;下游为58.81%、9.52%、3.36%、1.92%、0.07‰;支流江河为55.56%、10.32%、3.78%、2.03%、0.08‰;吉尔孟河为58.54%、10.84%、3.91%、2.19%、0.09‰,上述Al、Fe、K、Rb 4类元素含量总体呈现出上游低、中游高、下游偏低的变化趋势,吉尔孟河高于江河,而Si则相反,这与粒度分布较为一致(图3)。易风化的Na、Mg元素含量则与上述五类元素的分布有所不同,在干流上游的含量分别为2.06%、2.63%,干流中游为2.02%、2.57%,干流下游为2.01%、2.1%,支流江河为2%、1.92%,吉尔孟河为1.99%、1.87%,总体表现出由上游到下游逐渐减少的趋势(图4),江河高于吉尔孟河,这可能是不同河段风化程度不一致的结果^[52]。而活泼元素Ca、Sr在干流上游的含量分别为9.45%、0.23‰,干流中游为9.17%、0.28‰,干流下游为9.41%、0.26‰,支流江河为9.63%、0.32‰,吉尔孟河为6.24%、0.23‰(图4),Ca元素在干流上的分布趋势总体上与稳定元素相反,而Sr则相同,支流上Ca和Sr的分布基本一致,江河均高于吉尔孟河,这可能是两种元素在表土中的赋存状态、淋溶程度共同作用的结果。进一步地,化学指标 β 和CIA总体呈相似特

征，整个流域中 β 和CIA最高值均出现在支流吉尔孟河，分别为4.76和51.66，在干流范围内下游 β 值最高为3.81，中游段的CIA最高为42.45（图4），说明吉尔孟河是布哈河流域风化淋溶程度最高的区域，中游和下游分别是干流风化和淋溶程度最高的区域。

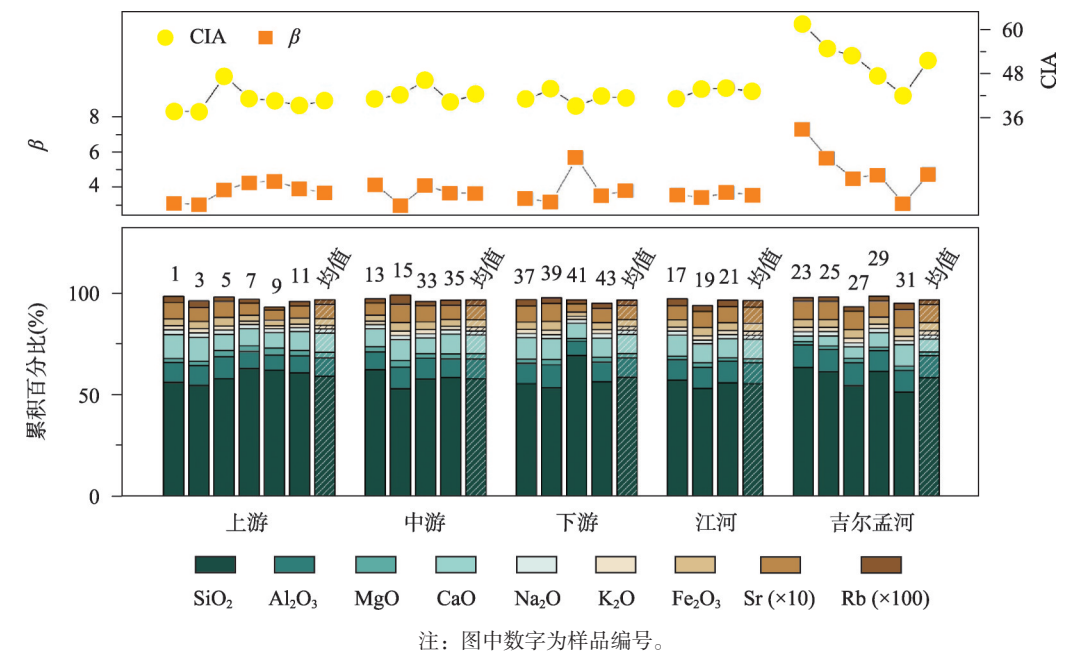


图4 布哈河流域表土的元素含量和化学指标分布

Fig. 4 The distribution of elements contents and chemical index of top soils in the Buha River catchment

4.4 表土有机质和碳酸盐组成

土壤在550℃煅烧下的烧失量常被用以指代土壤中的有机质含量，而在950℃煅烧下的烧失量则用来代表土壤碳酸盐含量^[53]。结果表明，布哈河流域表土550℃烧失量反映的有机质含量变化范围为1.79%~14.11%，均值为6.32%；TOC含量在0.23%~2.82%之间，均值为1.31%；碳酸盐含量在2.19%~8.96%之间，均值为6.66%（图5）。有机质含量最高值出现在支流吉尔孟河，碳酸盐含量最高值则出现在布哈河干流上游段。具体而言，有机质和TOC在干流上游的含量分别为3.53%、0.81%，干流中游为5.42%、0.95%，干流下游为6.73%、1.32%，支流江河为7.35%、1.6%，吉尔孟河为9.43%、2.01%，总体表现出由上游到下游逐渐增高的趋势（图5），江河低于吉尔孟河，这可能是不同河段植被覆盖和土地利用不一致的结果，而且这种趋势与Na、Mg等易风化元素的变化趋势相反。而碳酸盐在布哈河干流上游、中游、下游及支流江河和吉尔孟河的含量分别为7.99%、7.13%、6.82%、6.67%、4.55%，也展现出与有机质含量相反的变化趋势（图5）。

5 讨论

5.1 布哈河流域表土DNA浓度与理化组成的关系

5.1.1 布哈河流域表土理化特征 基于对布哈河流域干流和主要支流河段表土的系统性采样，结合各土样的粒度、元素、烧失量、TOC等理化指标分析，布哈河流域表土理化组

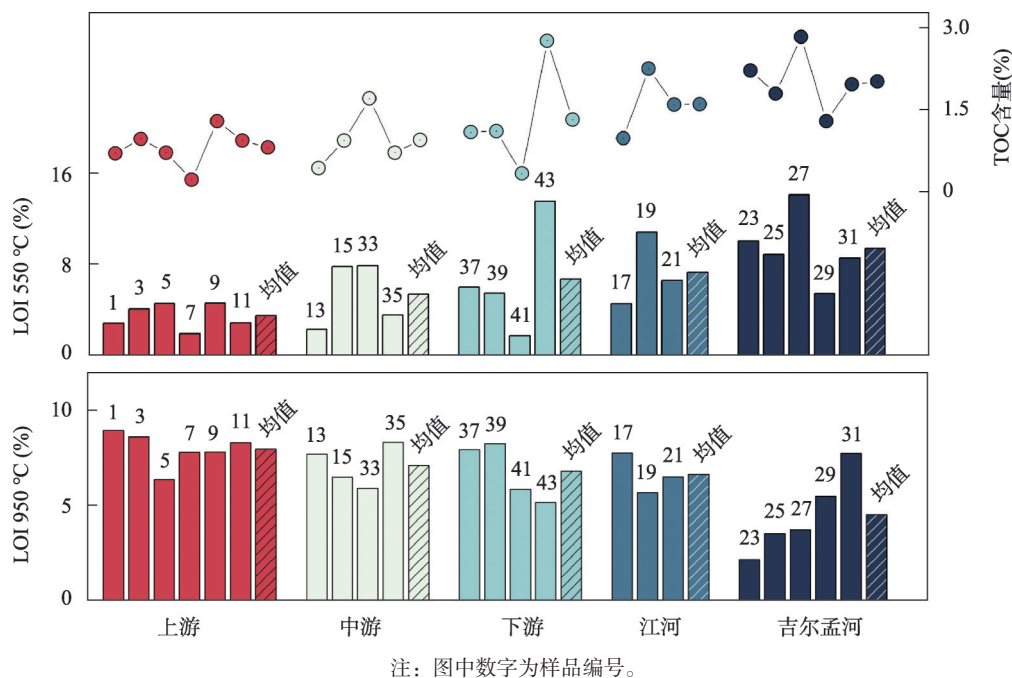


图5 布哈河流域表土的烧失量(LOI)和TOC含量分布

Fig. 5 The distribution of loss on ignition (LOI) and TOC contents of top soils in the Buha River catchment

成的空间分布得以体现。就干流而言, ① 上游段表土主要由砂和粗粉砂构成, 中值粒径达 $72.9 \mu\text{m}$ 且呈单峰状 (图3); 赋存于细颗粒物质中的元素 Al、Fe、K、Rb、Sr 含量较低, 富集在粗颗粒中的 Si 含量最高, 而易风化和迁移的 Na、Mg、Ca 元素含量为流域最高^[54], 虽因 Si 含量较高导致淋溶系数 β 偏高, 但化学蚀变指数 CIA 最低 (图4); 有机质含量和 TOC 为整个流域最低, 碳酸盐含量最高 (图5)。上述理化特征总体反映出该区域的表土颗粒较粗, 物质来源单一, 有机物来源较少, 成壤和风化淋溶作用最弱, 总体反映出寒冷干燥的气候特征^[44]。② 中游段表土的理化特征: 颗粒以粉砂为主, 中值粒径为 $57.74 \mu\text{m}$, 较上游偏细 (图3); Al、Fe、K、Rb、Sr 含量为干流最高, Si 最低, 也说明了该段的细颗粒含量最多, 粗颗粒最少, 因 Si 含量显著减少而导致淋溶系数 β 最低, 化学蚀变指数 CIA 最高 (图4); 有机质含量和 TOC 较上游偏高, 碳酸盐含量则偏低 (图5)。这些特征表明中游区域表土物质来源均一, 较上游相对温和湿润、有机物来源增多, 成壤和风化淋溶作用增强。③ 下游段表土颗粒最粗, 中值粒径为 $73.95 \mu\text{m}$, 但在细粉砂区和砂区均出现了峰状 (图3), 这表明该段表土物源有两种, 即细粉砂区的颗粒可能来自于母质的风化和成壤, 而砂区的颗粒则可能来自于河流的搬运和堆积; 与粒度特征对应的 Al、Fe、K、Rb、Sr 相较于中游偏低^[54-55], 而 Si 则偏高, 淋溶系数 β 最高, 化学蚀变指数 CIA 偏高 (图4); 有机质含量和 TOC 为干流段最高, 碳酸盐含量则最低 (图5)。这些理化特征表明下游区表土物质来源复杂, 河道摆动和平坦地势促使了河水中粗颗粒物在下游的堆积, 且河流的冲刷和淋溶的加剧使表土中碳酸盐流失, 而土壤中的有机质含量在更加温和湿润的环境中得到提升, 泥沙堆积也可能带来更多中游段的有机物^[39]。

相较于干流段表土的理化特征, 位于干流中下游北部的主要支流江河和吉尔孟河的表土理化特征则有所差异。江河的采样点主要集中在该支流的下游段, 其粒度、元素及化学指数的组成与干流中游段相似, 但有机质和 TOC 含量明显高于干流中游段, 这可能

是江河下游段农作物较多和河流搬运堆积的结果。对于更加靠近干流下游的吉尔孟河表土，则颗粒最细，中值粒级仅为36.3 μm，淋溶系数β、化学蚀变指数CIA、有机质和TOC含量为整个布哈河流域最高，而碳酸盐含量最低，这些特征表明吉尔孟河流域与布哈河干流下游段具有不同的地理环境，吉尔孟河在独特的地形下气候更加温和湿润，成壤和风化淋溶作用更强^[55]。

5.1.2 表土DNA浓度与理化组成的关系 土壤中的DNA通常来源于地表生长的植物残存DNA、活动的动物遗存（如遗体、毛发、粪便和尿液等）DNA和其中活跃的微生物DNA^[4]，其遗存状况主要受DNA自身特征（如DNA构象、链长等）、非生物环境（如气候、颗粒组成、pH、土地利用方式等）和生物环境（微生物群落等）控制^[12, 28]。对于土壤自身的理化特征这一非生物环境，前期研究表明DNA浓度与土壤有机质和TOC含量有一定相关性^[38]，且更易被土壤中的细颗粒物及黏土矿物吸附^[23]。布哈河流域表土DNA与表土有机质、碳酸盐、TOC、颗粒含量、化学指标等理化组成的相关性分析如图6所示。结果表明，在95%置信区间下布哈河表土DNA浓度与有机质含量和TOC的相关性系数分别为0.18和0.13，显示出较弱的正相关性，但也表明表土DNA来源并不完全与有机质一致。相较于DNA这一生物细胞携带的大分子核酸，土壤中的有机物来源和组成更为丰富，动植物残体分解物、微生物分泌物、人为有机肥料及生活垃圾等均可成为土壤中的有机质，且主要由碳水化合物、含氮化合物（蛋白质）、木质素等物质组成^[4, 38]。生物细胞大分子核酸仅为土壤有机质中比例较低的一部分，且易降解和消失，更多受控于活体生物遗存，因此二者正相关性并不显著。

除DNA浓度与有机质呈一定正相关外，布哈河表土DNA浓度与黏土含量的正相关性最高（ $r=0.21$ ），而与砂含量呈负相关性（ $r=-0.18$ ）（图6）。相关研究表明，黏土等细颗粒物通过分子间引力和化学键力等物理、化学作用将生物大分子DNA吸附在黏土

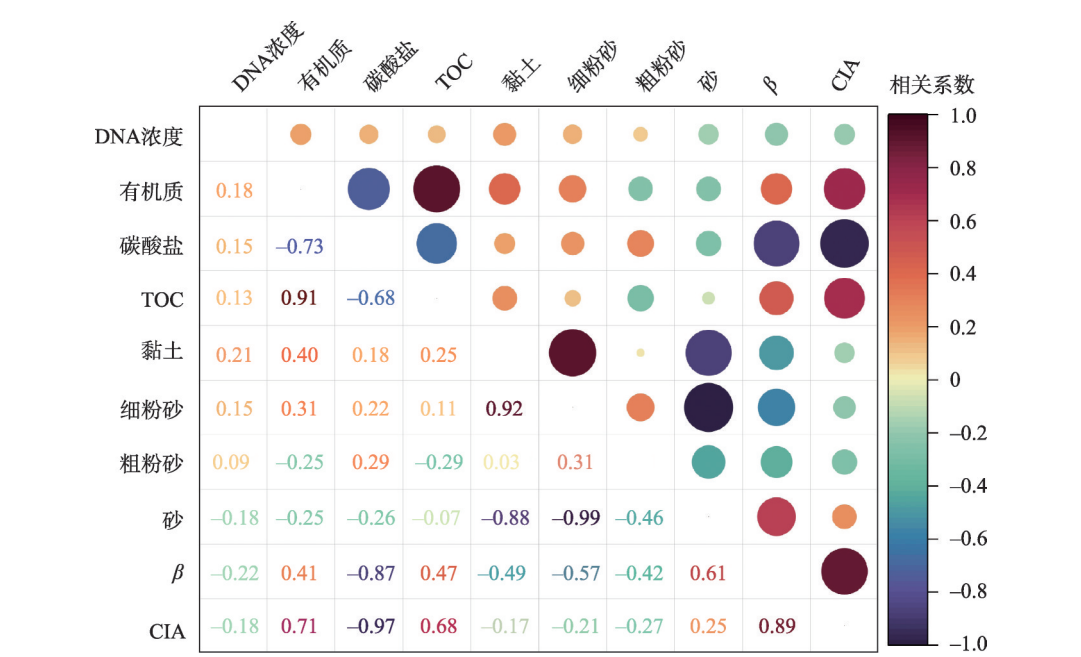


图6 布哈河流域表土DNA浓度与理化组成的相关性分析

Fig. 6 Correlation analysis between DNA concentration and organic matter, carbonate, TOC, grain size, chemical index of top soil in the Buha River catchment

矿物表面,而粗颗粒物因低吸附能力和较大孔隙不易截留和吸附生物DNA^[23, 56]。另一方面,布哈河流域表土DNA浓度与淋溶系数(β)和化学蚀变指数(CIA)均呈反相关,相关系数分别为-0.22和-0.18(图6),表明暖湿环境带来的土壤淋溶风化较显著的降低了表土DNA浓度,可能是生物大分子DNA被降解或迁移的结果。此外,布哈河表土的黏土和粉砂含量总体上与 β 及CIA指数呈反相关(图6),而砂含量则相反,进一步表明表土成壤过程中伴随着较强的淋溶风化作用^[55]。综上,布哈河表土DNA浓度与其理化组成的关系表明,生物大分子DNA通过被细颗粒物吸附成为土壤有机质的一部分,但也易在淋溶风化作用下被搬运或降解。因此,在选择不同类型地质载体开展沉积物DNA分析之前,需充分考虑流域内沉积物源的成壤环境。需指出的是,布哈河表土DNA浓度与颗粒组成及淋溶风化强度间的相关性虽展现出其指示意义但并不特别显著,可能是采样点较少、未分区域进行空间分析、分析手段(如冗余分析等)不够全面等因素的共同结果。因此,在今后地表过程分析中需进一步改善采样设计和空间分析,进而增加数据分析的多样性和可靠性。

5.2 布哈河流域表土DNA浓度空间分布的环境因素

基于布哈河流域干流上、中、下游及主要支流江流、吉尔孟河区域中各采样点的空间分布,利用克里金法将各采样点表土DNA浓度在Arcgis中插值计算,布哈河流域不同河段的表土DNA浓度空间分布如图7a所示。结果表明,布哈河流域表土DNA平均浓度为0.91 $\mu\text{g/g}$,具体表现为布哈河干流中游段的表土DNA含量最高(1.48 $\mu\text{g/g}$),支流吉尔孟河次之(1.03 $\mu\text{g/g}$),干流下游段(0.51 $\mu\text{g/g}$)和支流江河(0.42 $\mu\text{g/g}$)最低。另一方面,布哈河流域表土有机质含量的分布表明(图7b),高值主要出现在干流下游段(6.73%)和支流吉尔孟河(9.43%),而干流中游段的有机质含量则较低(5.42%),二者间空间分布的差异也说明有机质含量不能直接反映土壤DNA的浓度变化。

通过分析布哈河流域的植被覆盖程度(图7c)和土地利用方式(图7d),该区域的表土DNA来源及其与土壤有机质分布差异的原因得以体现。相较于植被覆盖率较低的干流上游河段,布哈河干流中下游及江河、吉尔孟河的植被覆盖程度较高,这为土壤中的DNA及有机质提供了丰富的植物来源。另一方面,布哈河流域干流中游段主要以草地和稀疏低矮灌木丛为主,而在支流江河、吉尔孟河则更多以茂密灌木丛为主,上游河段更见裸地。这反映出当地畜牧的主要区域集中在干流中游区域,大量的黄牛、牦牛、羊等畜牧动物频繁活跃在这些区域,而灌木丛内更多见稀疏的野生动物,如高原鼠兔等。这些人类放牧的动物为布哈河干流中下游段提供了大量的动物DNA片段,此外草地内大量细菌、真菌等微生物也贡献了较高的DNA。因此,虽然吉尔孟河表土的有机质含量最高,但其内含的DNA却次于布哈河干流中游段。类似地,地处法国西北部的草地土壤来源于植物、细菌、真菌中的DNA浓度是植被长久覆盖地区土壤的1.5倍^[57]。

相较于植被覆盖程度高且以草地为主的布哈河干流中游段,下游地区除当地居民放牧外,还因季节性农作物耕种而人工施加有机肥,且主要集中在该区域的牧民和游客带来的生活垃圾也增加了土壤有机质含量,因此下游段土壤有机质含量为整个干流区最高。但是,下游区域表土DNA平均浓度仅为0.51 $\mu\text{g/g}$,表现出与中游段相反的趋势(图7a),这可能是下列几方面因素共同作用的结果。布哈河流域1970—2000年间的年均气温(图7e)和年均降水量(图7f)分布显示干流下游段的温度和降水均高于中游段。较高的温度和较湿润的环境增加了表土中DNA链的降解程度^[4],降低了土壤中的DNA浓度。另一方面,地势较平坦的干流下游段在较高降水下易发生河水漫流^[58],表土DNA也随降水和漫流现象而被淋溶和流失,进一步降低了该区域表土DNA浓度。此外,干流下

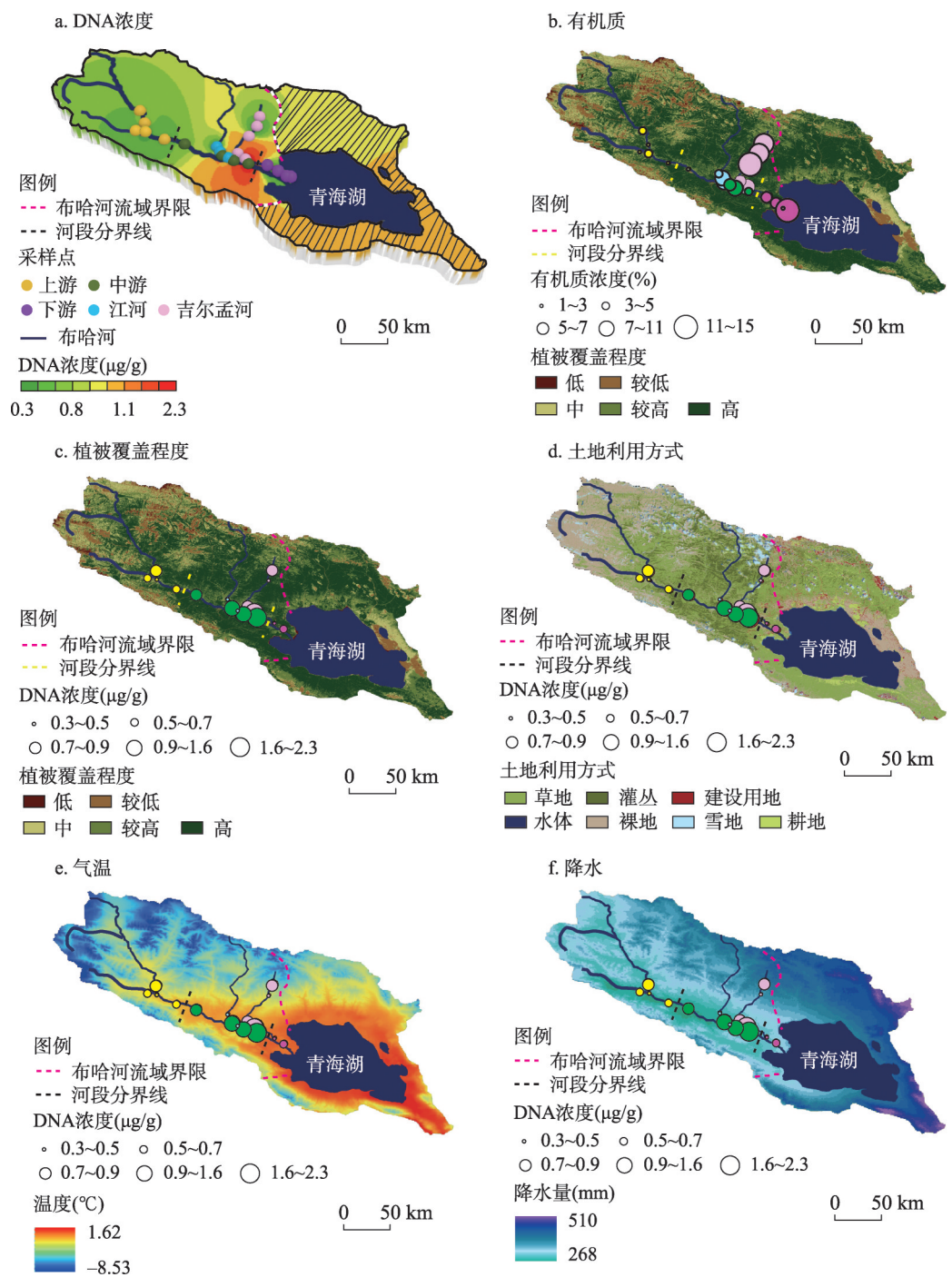


图7 布哈河流域表土DNA浓度、有机质含量、植被覆盖程度、土地利用方式、平均气温和平均降水的空间分布

Fig. 7 Spatial distributions of topsoil DNA concentration, organic matter content, vegetation cover, land use, mean temperature, and mean precipitation in the Buha River catchment

游段地表主要是农耕和畜牧交互利用的方式^[44]。当地牧民在冬季将家畜圈养在一定区域内喂养；但在夏季随着家畜前往干流中游段散养式放牧，该区域被用以种植青稞、玉米等农作物。Wolinska 等^[38]指出农耕活动减弱了土壤肥力并通过翻耕等增加了土壤孔隙，促使了土壤中的 DNA 进一步降解和淋溶。因此，干流下游段的农耕活动也在一定程度上减少了表土 DNA 浓度^[56]。总之，布哈河干流中游河段表土 DNA 的高含量是较细的土壤质地、高植被覆盖（草地）和放牧活动导致其富集的结果，而下游段则可能是暖湿环境下淋溶、河流输移、农作物耕种 3 种环境因素共同导致了表土 DNA 含量的减弱。

需指出的是，布哈河下游区域的表土 DNA 在淋溶和河水迁移作用下被汇入到青海湖西北部，随着泥沙沉积保留在同时期地层中。作为国内面积最大的咸水湖，青海湖湖水 pH 为 9.06，水体电导率为 165 $\mu\text{S}/\text{cm}$ ^[58]，咸水环境可有效减弱黏粒吸附的 DNA 降解，便于 DNA 长久保存，是开展湖泊沉积物 DNA 研究的理想湖水环境^[32]。因此，青海湖西侧沉积物可能是基于古 DNA 组成重建布哈河下游区域历史时期生态演变、多民族农牧结构和人地关系的良好载体。

6 结论

本文通过对适宜 DNA 保存的布哈河流域表土 DNA 浓度和常规理化指标测定，结合气候、植被覆盖、土地利用等环境要素，分析了该流域表土 DNA 浓度空间分布及影响因素，得出如下结论：

(1) 布哈河流域表土 DNA 平均浓度为 0.91 $\mu\text{g}/\text{g}$ ，其高值主要分布在干流中游及支流吉尔孟河区域，含量分别为 1.48 $\mu\text{g}/\text{g}$ 和 1.03 $\mu\text{g}/\text{g}$ ，而植被覆盖程度高、牧民集中地的下游区域则含量较低，含量仅为 0.51 $\mu\text{g}/\text{g}$ 。

(2) 布哈河流域表土 DNA 浓度与其自身的理化组成有关。黏粒和有机质含量可能是影响土壤 DNA 浓度的正向因子，而砂含量及风化淋溶作用可能是负向因子，这为开展 DNA 分析的沉积物载体选择提供了科学依据。

(3) 气候、植被覆盖、河流输移、土地利用方式是影响土壤 DNA 浓度的主要环境因子。植被覆盖程度高、放牧活动频繁有助于 DNA 在土壤中的富集，而暖湿环境下较强的风化淋溶、河流冲刷、农作物耕种会减弱土壤 DNA 浓度。

致谢：感谢法国国家科研中心(CNRS)、萨瓦勃朗峰大学 EDYTEM 实验室 Fabien Arnaud 研究员、Charline Giguët-Covex 研究员、中国科学院南京地理与湖泊研究所林琪特聘研究助理对沉积物 DNA 实验的指导；感谢圣湘生物科技股份有限公司郭鑫武高级工程师、湖南文理学院生命与环境科学学院林旺副教授对沉积物 DNA 浓度测定的帮助；感谢青海师范大学田万霞硕士生和西北高原生物研究所李英年研究员对野外采样和常规理化实验分析的支持；特别感谢评审专家和编辑部老师的建设性意见。

参考文献(References)

- [1] Yang M A, Fan X C, Sun B, et al. Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China. *Science*, 2020, 369(6501): 282-288.
- [2] Sheng Guilian, Lai Xulong, Yuan Junxia, et al. Ancient DNA: Achievements in the first 35 years and its prospective. *Scientia Sinica Terrae*, 2016, 46(12): 1564-1578. [盛桂莲, 赖旭龙, 袁俊霞, 等. 古 DNA 研究 35 年回顾与展望. *中国科学: 地球科学*, 2016, 46(12): 1564-1578.]
- [3] Liu Y C, Bennett E A, Fu Q M. Evolving ancient DNA techniques and the future of human history. *Cell*, 2022, 185(15): 2632-2635.
- [4] Capo E, Giguët-Covex C, Rouillard A, et al. Lake sedimentary DNA research on past terrestrial and aquatic

- biodiversity: Overview and recommendations. *Quaternary*, 2021, 4(1): 6. DOI: 10.3390/quat4010006.
- [5] Crump S E. Sedimentary ancient DNA as a tool in paleoecology. *Nature Reviews Earth & Environment*, 2021, 2(4): 229. DOI: 10.1038/s43017-021-00158-8.
- [6] Monchamp M E, Armbricht L, Capo E, et al. PaleoEcoGen: Unlocking the power of ancient environmental DNA to understand past ecological trends. *Past Global Changes Magazine*, 2021, 29(2): 102. DOI: 10.22498/pages.29.2.102.
- [7] Liu S S, Stoof-Leichsenring K R, Kruse S, et al. Holocene vegetation and plant diversity changes in the north-eastern Siberian treeline region from pollen and sedimentary ancient DNA. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 2020, 8: 560243. DOI: 10.3389/fevo.2020.560243.
- [8] Murchie T J, Monteath A J, Mahony M E, et al. Collapse of the mammoth-steppe in central Yukon as revealed by ancient environmental DNA. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 7120. DOI: 10.1038/s41467-021-27439-6.
- [9] Giguët-Covex C, Pansu J, Arnaud F, et al. Long livestock farming history and human landscape shaping revealed by lake sediment DNA. *Nature Communications*, 2014, 5(1): 3211. DOI: 10.1038/ncomms4211.
- [10] Zavala E I, Jacobs Z, Vernot B, et al. Pleistocene sediment DNA reveals hominin and faunal turnovers at Denisova Cave. *Nature*, 2021, 595(7867): 399-403.
- [11] Willerslev E, Davison J, Moora M, et al. Fifty thousand years of Arctic vegetation and megafaunal diet. *Nature*, 2014, 506(7486): 47-51.
- [12] Parducci L, Bennett K D, Ficetola G F, et al. Ancient plant DNA in lake sediments. *New Phytologist*, 2017, 214(3): 924-942.
- [13] van Vugt L, Garcés-Pastor S, Gobet E, et al. Pollen, macrofossils and sedaDNA reveal climate and land use impacts on Holocene mountain vegetation of the Lepontine Alps, Italy. *Quaternary Science Reviews*, 2022, 296: 107749. DOI: 10.1016/j.quascirev.2022.107749.
- [14] Monchamp M E, Spaak P, Domaizon I, et al. Homogenization of lake cyanobacterial communities over a century of climate change and eutrophication. *Nature Ecology & Evolution*, 2018, 2(2): 317-324.
- [15] Liu S S, Kruse S, Scherler D, et al. Sedimentary ancient DNA reveals a threat of warming-induced alpine habitat loss to Tibetan Plateau plant diversity. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 2995. DOI: 10.1038/s41467-021-22986-4.
- [16] von Hippel B, Stoof-Leichsenring K R, Schulte L, et al. Long-term fungus-plant covariation from multi-site sedimentary ancient DNA metabarcoding. *Quaternary Science Reviews*, 2022, 295: 107758. DOI: 10.1016/j.quascirev.2022.107758.
- [17] Ficetola G F, Poulenard J, Sabatier P, et al. DNA from lake sediments reveals long-term ecosystem changes after a biological invasion. *Science Advances*, 2018, 4(5): eaar4292. DOI: 10.1126/sciadv.aar4292.
- [18] Wang Y C, Pedersen M W, Alsos I G, et al. Late Quaternary dynamics of Arctic biota from ancient environmental genomics. *Nature*, 2021, 600(7887): 86-92.
- [19] Bajard M, Poulenard J, Sabatier P, et al. Pastoralism increased vulnerability of a subalpine catchment to flood hazard through changing soil properties. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 2020, 538: 109462. DOI: 10.1016/j.palaeo.2019.109462.
- [20] Schlumbaum A, Tensen M, Jaenicke-Després V. Ancient plant DNA in archaeobotany. *Vegetation History and Archaeobotany*, 2008, 17(2): 233-244.
- [21] Curtin L, d'Andrea W J, Balascio N L, et al. Sedimentary DNA and molecular evidence for early human occupation of the Faroe Islands. *Communications Earth & Environment*, 2021, 2(1): 253. DOI: 10.1038/s43247-021-00318-0.
- [22] Gu Zhengquan, Wang Yucheng, Liu Yongqin, et al. Ancient environmental DNA and environmental archaeology. *Quaternary Sciences*, 2020, 40(2): 295-306. [顾政权, 王昱程, 刘勇勤, 等. 古环境DNA与环境考古. 第四纪研究, 2020, 40(2): 295-306.]
- [23] Kjær K H, Pedersen M W, de Sanctis B, et al. A 2-million-year-old ecosystem in Greenland uncovered by environmental DNA. *Nature*, 2022, 612(7939): 283-291.
- [24] Hou Weiguo, Dong Hailiang, Jiang Hongchen, et al. Applications of ancient DNA preserved in sediment in paleoecology, paleo-environment and paleo-climate studies. *Earth Science Frontiers*, 2017, 24(2): 286-291. [侯卫国, 董海良, 蒋宏忱, 等. 沉积物中古DNA在古生态、古环境和古气候研究中的应用. 地学前缘, 2017, 24(2): 286-291.]
- [25] Yan Dongna, Xu Hai, Hou Weiguo. Application of modern molecular biotechnology in studying ancient DNA of lake sediments. *Chinese Journal of Ecology*, 2019, 38(7): 2200-2209. [严东娜, 徐海, 侯卫国. 现代分子生物技术在湖泊沉积物古DNA研究中的应用. 生态学杂志, 2019, 38(7): 2200-2209.]
- [26] Ma Rui, Chen Jianhui, Liu Jianbao, et al. Progress in the application of lake sediment DNA in climate and

- environmental change and ecosystem response. *Journal of Lake Sciences*, 2021, 33(3): 653-666. [马睿, 陈建徽, 刘建宝, 等. 湖泊沉积物 DNA 在气候环境变化和生态系统响应研究中的应用. *湖泊科学*, 2021, 33(3): 653-666.]
- [27] Wu Kai, Li Kai, Jia Weihai, et al. Modern processes of lacustrine plant sedimentary ancient DNA. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2022, 46(7): 735-752. [吴铠, 李凯, 贾伟瀚, 等. 湖泊沉积植物古 DNA 的现代过程. *植物生态学报*, 2022, 46(7): 735-752.]
- [28] Wang Jing, Xu Hai. Lake sedimentary ancient DNA (sedaDNA) reveals paleoclimatic change and ecological evolution. *Journal of Earth Environment*, 2022, 13(2): 132-162. [王晶, 徐海. 湖泊沉积物古 DNA 揭示气候环境变化和生态演化. *地球环境学报*, 2022, 13(2): 132-162.]
- [29] Wang Xiaqing, Lv Feiya, Wan Dejun, et al. Reconstruction of flora and fauna community evolution and human-earth interaction using sedimentary ancient DNA: Progress and perspectives. *Bulletin of Mineralogy, Petrology and Geochemistry*, 2022, 41(5): 914-925. [王夏青, 吕飞亚, 万的军, 等. 沉积物古 DNA 重构动植物群落变化及人地关系的研究进展. *矿物岩石地球化学通报*, 2022, 41(5): 914-925.]
- [30] Li K, Stoof-Leichsenring K R, Liu S S, et al. Plant sedimentary DNA as a proxy for vegetation reconstruction in eastern and northern Asia. *Ecological Indicators*, 2021, 132: 108303. DOI: 10.1016/j.ecolind.2021.108303.
- [31] Liu S S, Li K, Jia W H, et al. Vegetation reconstruction from Siberia and the Tibetan Plateau using modern analogue technique: Comparing sedimentary (ancient) DNA and pollen data. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 2021, 9: 668611. DOI: 10.3389/fevo.2021.668611.
- [32] Jia W H, Liu X Q, Stoof-Leichsenring K R, et al. Preservation of sedimentary plant DNA is related to lake water chemistry. *Environmental DNA*, 2022, 4(2): 425-439.
- [33] Sun Qingli, Yang Qi, Gao Yu, et al. Indica rice spread to the Tibetan Plateau in the 700s CE. *Scientia Sinica Terrae*, 2022, 52(12): 2416-2427. [孙青丽, 杨棋, 高玉, 等. 公元 8 世纪前后水稻向青藏高原南部的传播. *中国科学: 地球科学*, 2022, 52(12): 2416-2427.]
- [34] Gu Zhengquan, Gao Yu, Wang Yiru, et al. Food resources of the Khog Gzung site on the Tibetan Plateau revealed by sedimentary ancient DNA. *Scientia Sinica Terrae*, 2023, 53(4): 823-835. [顾政权, 高玉, 王一如, 等. 堆积物古 DNA 揭示西藏廓雄遗址的食物构成. *中国科学: 地球科学*, 2023, 53(4): 823-835.]
- [35] Zhang J F, Shi K, Paerl H W, et al. Ancient DNA reveals potentially toxic cyanobacteria increasing with climate change. *Water Research*, 2023, 229: 119435. DOI: 10.1016/j.watres.2022.119435.
- [36] Giguet-Covex C, Ficetola G F, Walsh K, et al. New insights on lake sediment DNA from the catchment: Importance of taphonomic and analytical issues on the record quality. *Scientific Reports*, 2019, 9: 14676. DOI: 10.1038/s41598-019-50339-1.
- [37] Birks H J B, Birks H H. How have studies of ancient DNA from sediments contributed to the reconstruction of Quaternary floras? *New Phytologist*, 2016, 209(2): 499-506.
- [38] Wolinska A, Stepniewska Z, Pytlak A. The effect of environmental factors on total soil DNA content and dehydrogenase activity. *Archives of Biological Sciences*, 2015, 67(2): 493-501.
- [39] Zhang F, Hu Y D, Fan X M, et al. Controls on seasonal erosion behavior and potential increase in sediment evacuation in the warming Tibetan Plateau. *Catena*, 2022, 209: 105797. DOI: 10.1016/j.catena.2021.105797.
- [40] Lin P L, Du Z H, Wang L, et al. Hotspots of riverine greenhouse gas (CH_4 , CO_2 , N_2O) emissions from Qinghai Lake Basin on the northeast Tibetan Plateau. *Science of the Total Environment*, 2023, 857: 159373. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2022.159373.
- [41] Zhou Ling, Jin Zhangdong, Li Fuchun, et al. Mineralogy of the otoliths of naked carp *Gymnocypris przewalskii* (Kessler) from Lake Qinghai and its Sr/Ca potential implications for migratory pattern. *Scientia Sinica Terrae*, 2012, 42(8): 1210-1217. [周玲, 金章东, 李福春, 等. 青海湖裸鲤(湟鱼)耳石的矿物组成及其 Sr/Ca 对洄游习性的潜在示踪. *中国科学: 地球科学*, 2012, 42(8): 1210-1217.]
- [42] Shen X Y, Zhao K, Mo B T. Effects of molybdenosis on antioxidant capacity in endangered Przewalski's Gazelles in the Qinghai Lake National Nature Reserve in the northwestern China. *Biological Trace Element Research*, 2022: 1-8. DOI: 10.1007/s12011-022-03470-6.
- [43] Wang H, Long H L, Li X B, et al. Evaluation of changes in ecological security in China's Qinghai Lake Basin from 2000 to 2013 and the relationship to land use and climate change. *Environmental Earth Sciences*, 2014, 72(2): 341-354.
- [44] Wei H C, Yuan Q, Xu Q H, et al. Assessing the impact of human activities on surface pollen assemblages in Qinghai Lake Basin, China. *Journal of Quaternary Science*, 2018, 33(6): 702-712.
- [45] Fulton T L, Shapiro B. Setting up an Ancient DNA Laboratory, *Ancient DNA*. New York: Humana Press, 2019.

- [46] Taberlet P, Prud'Homme S M, Campione E, et al. Soil sampling and isolation of extracellular DNA from large amount of starting material suitable for metabarcoding studies. *Molecular Ecology*, 2012, 21(8): 1816-1820.
- [47] Giguët-Covex C, Taberlet P, Ficetola F G. Extracellular DNA extraction. *Protocols. Io*, 2020. DOI: 10.17504/protocols.io.bdws7ee.
- [48] Chardon C, Jacas L, Domaizon I. Extracellular DNA extraction from sediment using phosphate buffer and NucleoSpin® Soil kit (MACHEREY NAGEL). *Protocols. Io*, 2020. DOI: 10.17504/protocols.io.betsjene
- [49] Yu S C, Wang Y, Li X, et al. The factors affecting the reproducibility of micro-volume DNA mass quantification in Nanodrop 2000 spectrophotometer. *Optik*, 2017, 145: 555-560.
- [50] Dong Miao, Yan Ping, Wang Xiaoxu, et al. Characteristics of surface sediments on the climbing dunes in Shannan wide valley section of Yarlung Tsangpo River, China. *Journal of Desert Research*, 2022, 42(2): 153-163. [董苗, 严平, 王晓旭, 等. 雅鲁藏布江山南宽谷段爬坡沙丘表层沉积物特征. *中国沙漠*, 2022, 42(2): 153-163.]
- [51] de Vos B, Vandecasteele B, Deckers J, et al. Capability of loss-on-ignition as a predictor of total organic carbon in non-calcareous Forest Soils. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2005, 36(19/20): 2899-2921.
- [52] Zhang F, Jin Z D, Hu G, et al. Seasonally chemical weathering and CO₂ consumption flux of Lake Qinghai river system in the northeastern Tibetan Plateau. *Environmental Earth Sciences*, 2009, 59(2): 297-313.
- [53] Li Xinxin, Song Yougui. Variation in loss on ignition of the Nilka loess section in the Yili basin and its impact factors. *Marine Geology & Quaternary Geology*, 2014, 34(5): 127-135. [李新新, 宋友桂. 伊犁尼勒克剖面烧失量变化特征及影响因素. *海洋地质与第四纪地质*, 2014, 34(5): 127-135.]
- [54] Wang Xiaqing, Peng Baofa, Li Fuchun, et al. Features and geochemical identification index of deposition couplets in landslide-dammed reservoirs on Loess Plateau of China. *Soils*, 2018, 50(5): 1046-1054. [王夏青, 彭保发, 李福春, 等. 黄土高原聚淤沉积旋回特征及地球化学划分. *土壤*, 2018, 50(5): 1046-1054.]
- [55] Zeng Fangming, Xue Hongpan. Elemental compositions of the late Quaternary loess-paleosol on the northeastern Qinghai-Tibet Plateau and their implications for provenance. *Journal of Desert Research*, 2020, 40(6): 105-117. [曾方明, 薛红盼. 青藏高原东北部晚第四纪黄土—古土壤的元素组成及其物源指示. *中国沙漠*, 2020, 40(6): 105-117.]
- [56] Foucher A, Evrard O, Ficetola G F, et al. Persistence of environmental DNA in cultivated soils: Implication of this memory effect for reconstructing the dynamics of land use and cover changes. *Scientific Reports*, 2020, 10: 10502. DOI: 10.1038/s41598-020-67452-1.
- [57] Gangneux C, Akpa-Vincelas M, Sauvage H, et al. Fungal, bacterial and plant dsDNA contributions to soil total DNA extracted from silty soils under different farming practices: Relationships with chloroform-labile carbon. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43(2): 431-437.
- [58] Cui B L, Li X Y, Wei X H. Isotope and hydrochemistry reveal evolutionary processes of lake water in Qinghai Lake. *Journal of Great Lakes Research*, 2016, 42(3): 580-587.

Spatial distributions of topsoil DNA concentrations and their impact factors in the Buha River catchment, Qinghai Lake

ZHOU Kehan^{1,2}, WANG Xiaqing², LIU Fenggui¹, ZHOU Qiang¹,
WAN Dejun³, LYU Feiya², HUANG Ping'an²

(1. School of Geographic Science, Qinghai Normal University, Xining 810016, China; 2. College of Geography and Tourism, Hunan University of Arts and Science, Changde 415000, Hunan, China;

3. School of Geographical Science, Nantong University, Nantong 226019, Jiangsu, China)

Abstract: Sedimentary DNA has been widely used in the studies of climate change, ecological function, and environmental archaeology, because it can provide biological dynamic information with temporal dimension in geographical environment. However, the surface processes and impact factors of sedimentary DNA within the catchments are still not fully understood, which limits the accuracy of sedimentary DNA data interpretation. In this study, topsoil DNA concentrations at the Buha River catchment in northwest Qinghai Lake, which was suitable for DNA preservation, were firstly measured based on domestic new sedimentary DNA laboratory. Meanwhile, soil physical and chemical compositions, including grain size, elements, loss on ignition and TOC, were determined. Subsequently, the abiotic factors which had impact on spatial distribution of topsoil DNA concentration were analyzed by combing the status related with climate, vegetation cover, and land use at the Buha River catchment. The results showed that the average concentration of topsoil DNA at the whole catchment was 0.91 µg/g, with the higher values in the middle reaches of the Buha River and its tributary Jilmon River, while the lower ones in the lower reaches near the Qinghai Lake. In addition, topsoil DNA concentrations at the catchment were positively correlated with the contents of clay and organic matter, but negatively correlated with sand content and the intensity of weathering and leaching. Besides, high vegetation cover and frequent grazing activities contributed to the enrichment of the topsoil DNA, while strong weathering and leaching under warm and wet environment, river transportation and crop cultivation reduced the concentration of the topsoil DNA. All the above results provide a scientific basis for an understanding of the deposition processes of sedimentary DNA and their impact factors in the Buha River catchment, which are helpful for revealing sedimentary DNA compositions and evolution processes of ecological environment and human-environment relationship in regions west of the Qinghai Lake.

Keywords: sedimentary DNA; nucleic acid concentration; impact factors; Buha River catchment; Qinghai Lake