

火山极端环境下不同岩石表层土壤微生物组的模式和驱动因素

陈金^{§, 1, 2}, 李自姍^{§, 2}, 徐道龙³, 肖清臣², 刘海静¹, 李晓玉², 朝鲁蒙¹, 屈翰霆¹, 郑雅心¹, 刘新燕¹, 王鹏飞¹, 包玉英^{1*}

1. 内蒙古大学生命科学学院, 饲料与特色作物生物技术教育部重点实验室
2. 安徽农业大学, 作物抗逆境育种国家工程实验室
3. 江南大学生物技术学院, 工业生物技术教育部重点实验室



Chen, Jin, Zishan Li, Daolong Xu, Qingchen Xiao, Haijing Liu, Xiaoyu Li, Lumeng Chao, Hanting Qu, Yaxin Zheng, Xinyan Liu, Pengfei Wang, and Yuying Bao. 2023. "Patterns and drivers of microbiome in different rock surface soil under the volcanic extreme environment." *iMeta*. e122. <https://doi.org/10.1002/imt2.122>

引言

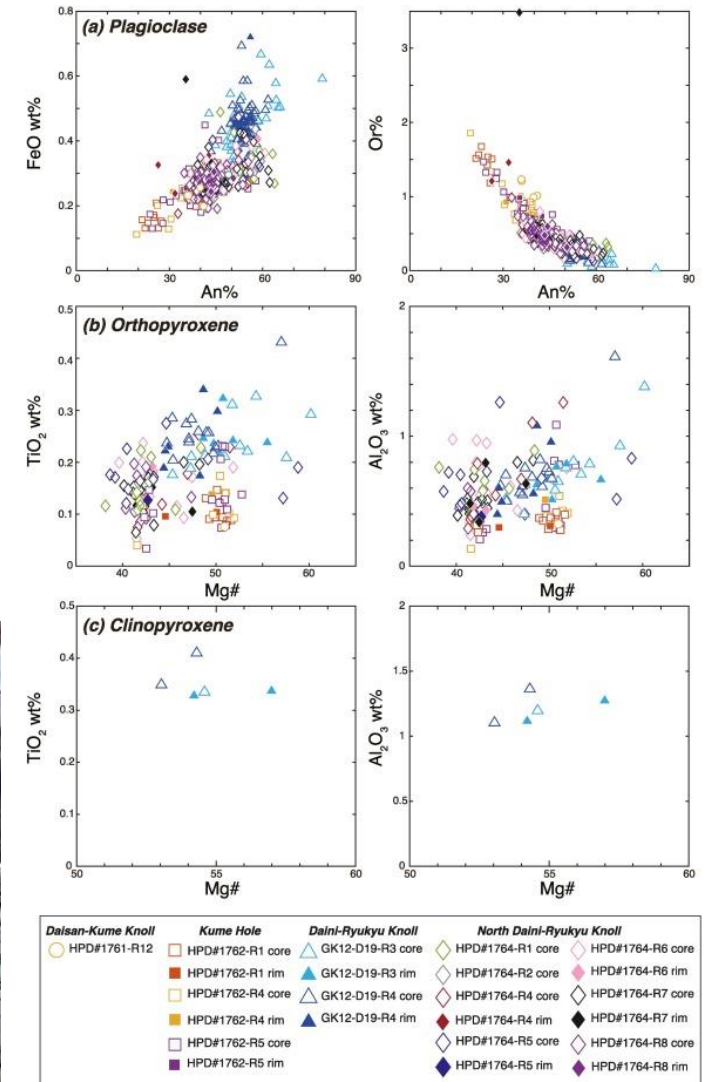
- 火山活动会造成原有生态环境的破坏；
- 火山极端环境下初始微生物会在岩石上寻找栖息地；
- 不同的岩石种类其物理化学性质也不同。



Ferlito, 2018, *Earth-Science Reviews*



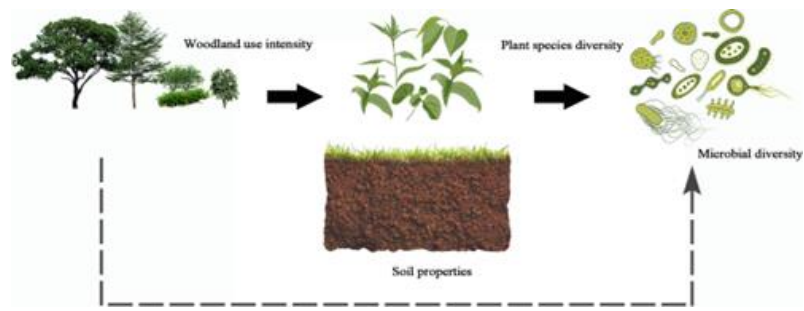
Oleg S. Vereshchagin et al., 2023, *Catena*



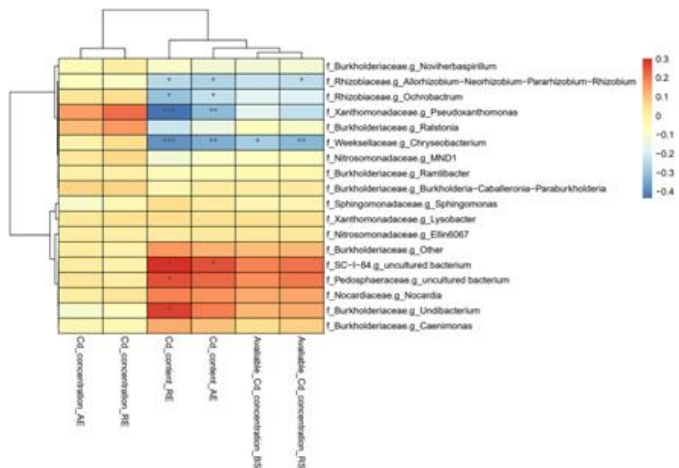
Yumiko Harigane et al., 2023, *Mar. Geol.*

引言

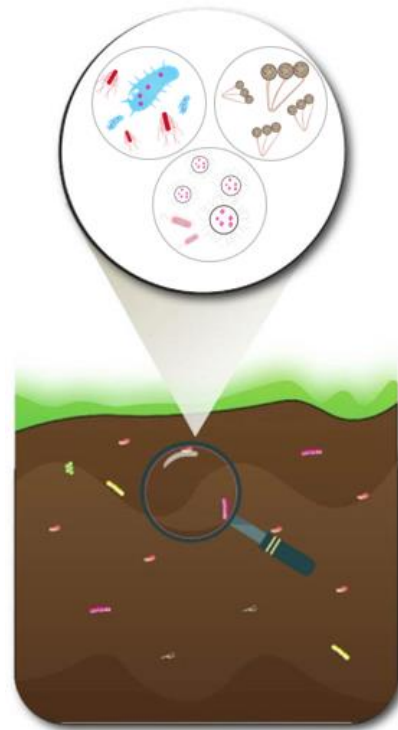
- 土壤微生物在调控土壤环境恢复和促进植物生长中有重要作用；
- 外界环境因素会对土壤微生物有一定的影响。



Li et al., 2022, *Sci. Total Environ.*



Huang et al., 2023, *Sci. Total Environ*

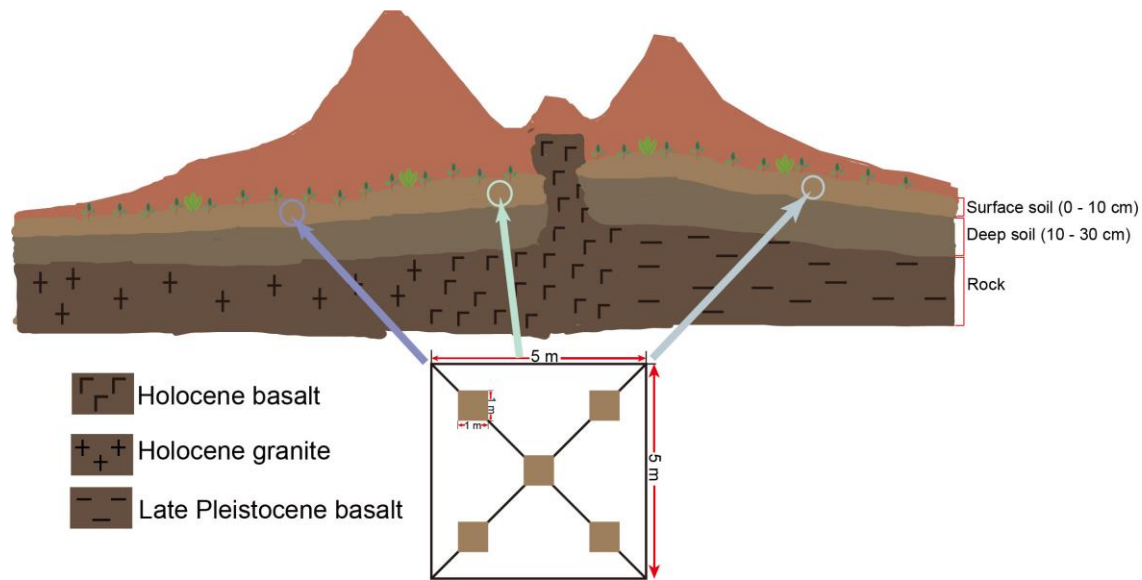


拟解决的问题:

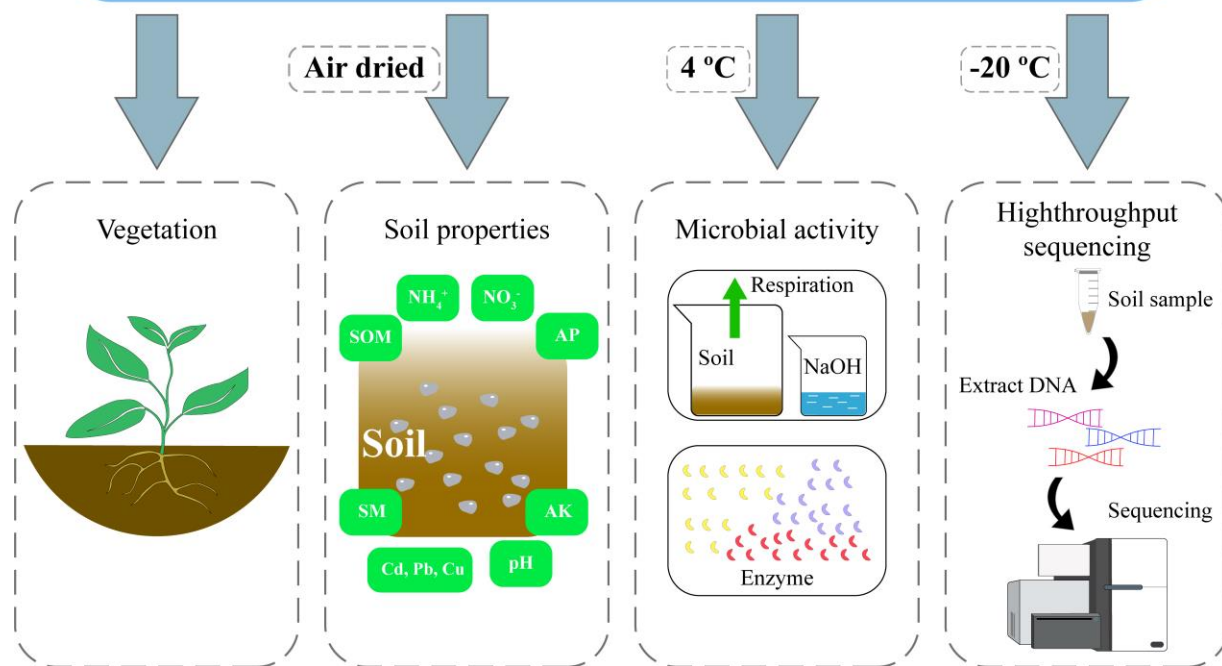
- 火山岩石表层土壤微生物群落中的关键物种有哪些？
- 哪些环境因素对火山岩石表层土壤微生物群落有重要影响？
- 微生物多样性、结构如何响应火山岩石表层土壤环境？

方法

样品收集

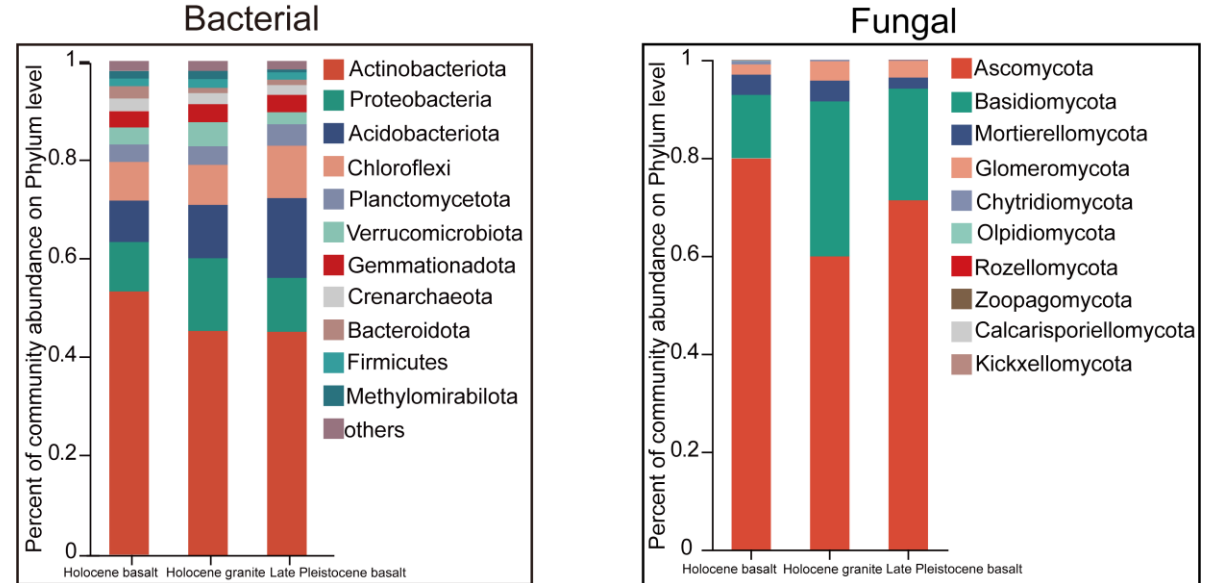
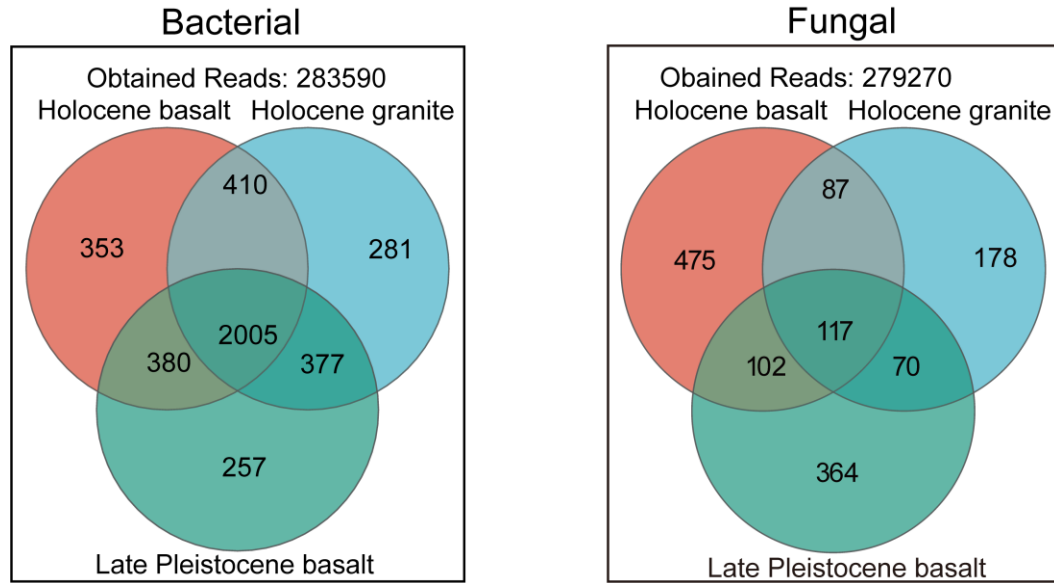


土壤处理



结果

不同岩石表层土壤的微生物组成

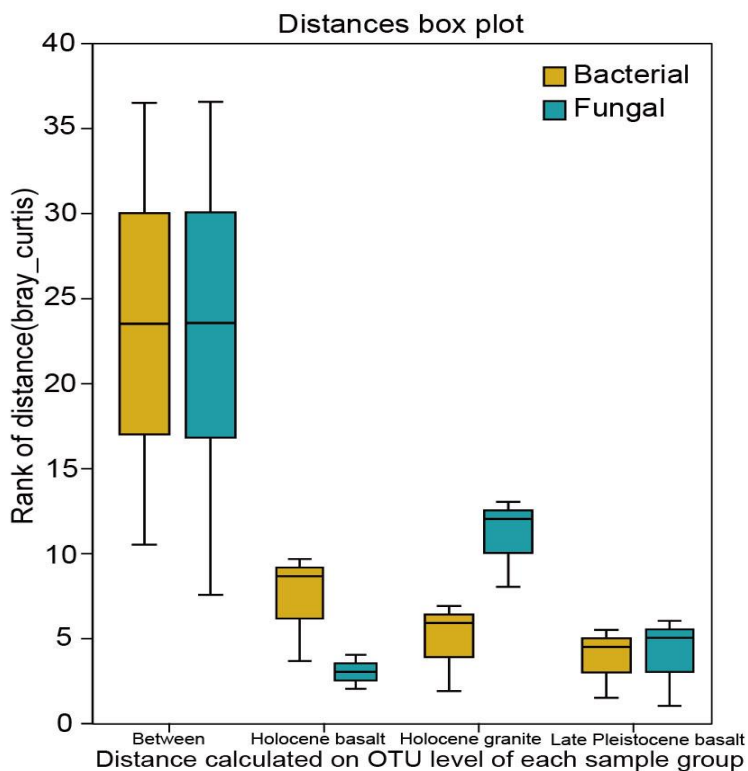


- 细菌的总获得序列要大于真菌；
- 在细菌中，全新世玄武岩中的OTU数目最多，且三个样地中共同拥有2005个OTU；
- 在真菌中，全新世玄武岩中OTU数目最多，且三个样地中共同拥有117个OTU。

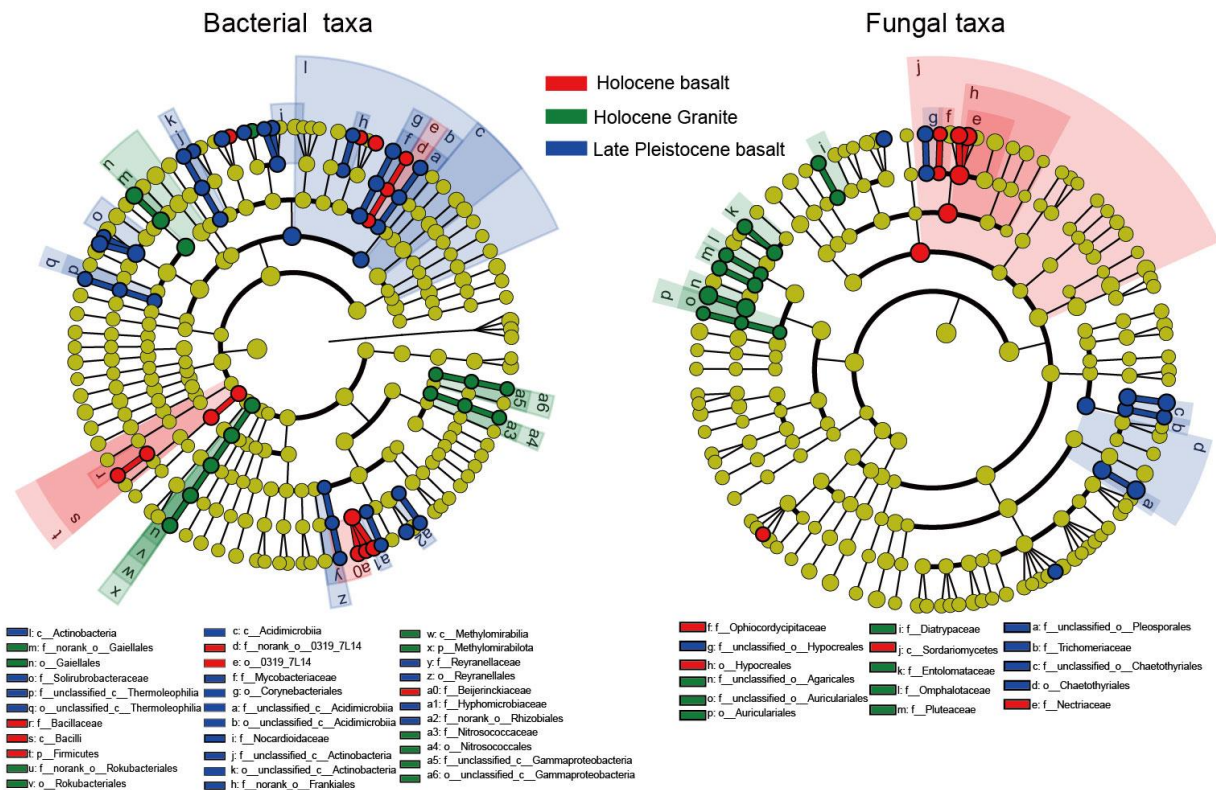
- 在细菌中，放线菌门(46.70–52.90%)的丰度最高；在真菌中，子囊菌门的丰度最高(58.30–79.21%)的丰度最高；
- 随着时间的推移，玄武岩两个不同时期的微生物组成也不同；
- 三个样地中，花岗岩中的变形杆菌门和担子菌门的丰度最高，放线菌门和子囊菌门的丰度最低。

结果

不同岩石表层土壤的微生物群落差异



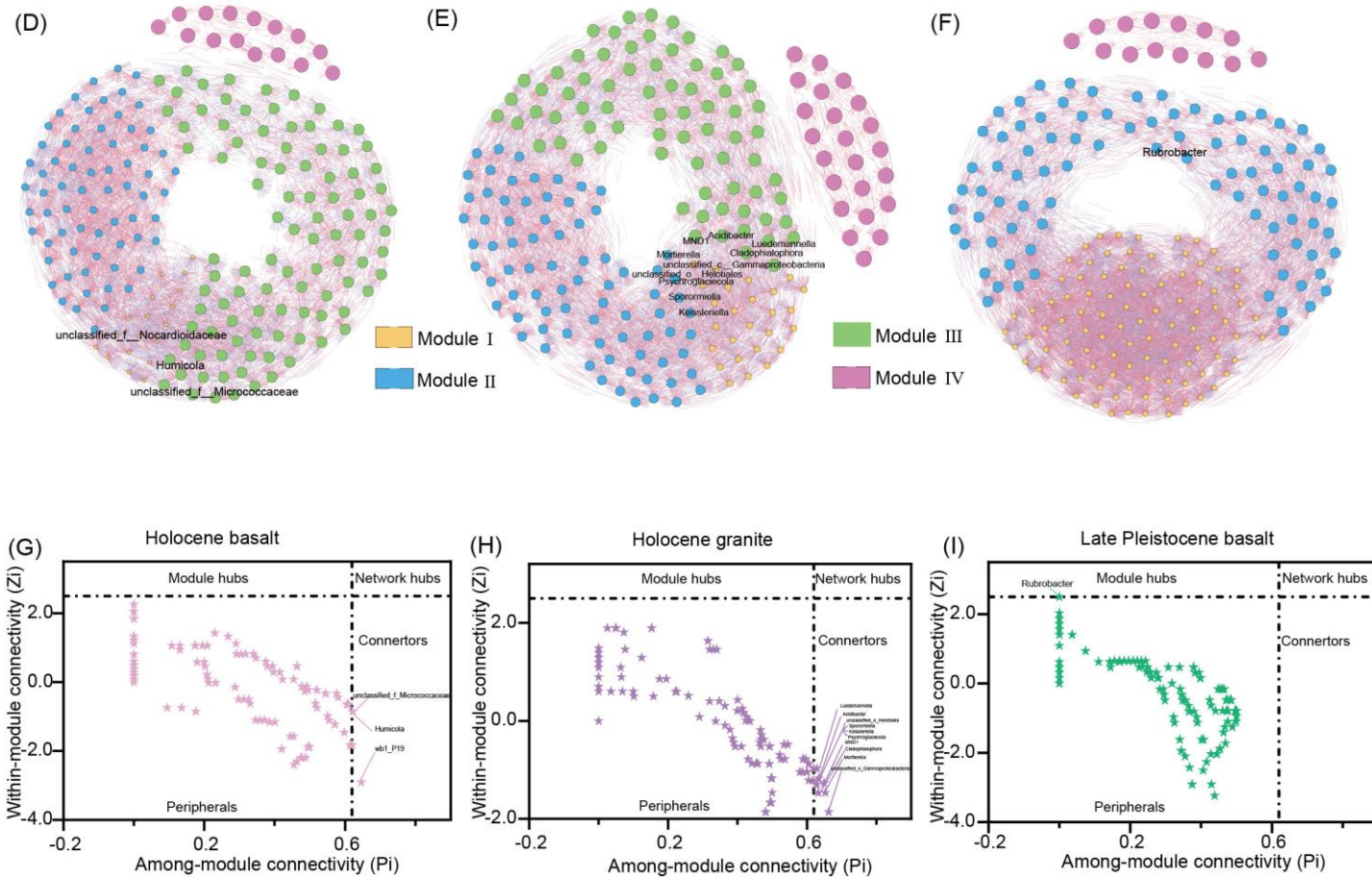
➤ 细菌群落比真菌要稳定。



- 细菌有63个分支，真菌有32个分支；
- 细菌的生物标志物比真菌多；
- 全新世玄武岩中有更多的生物标志物。

结果

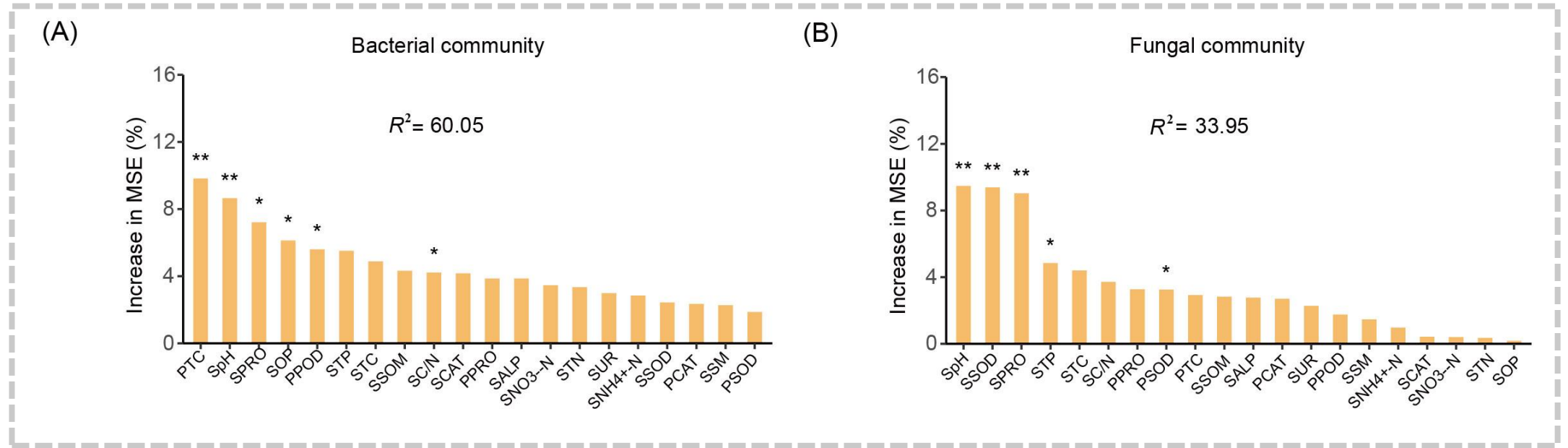
不同岩石表层土壤的微生物共现网络



- 晚更新世玄武岩比全新世玄武岩有更复杂的微生物网络；花岗岩比玄武岩有更复杂的微生物网络；
- 全新世玄武岩有4个关键类群；花岗岩有11个关键类群；晚更新世玄武岩有1个关键类群。

结果

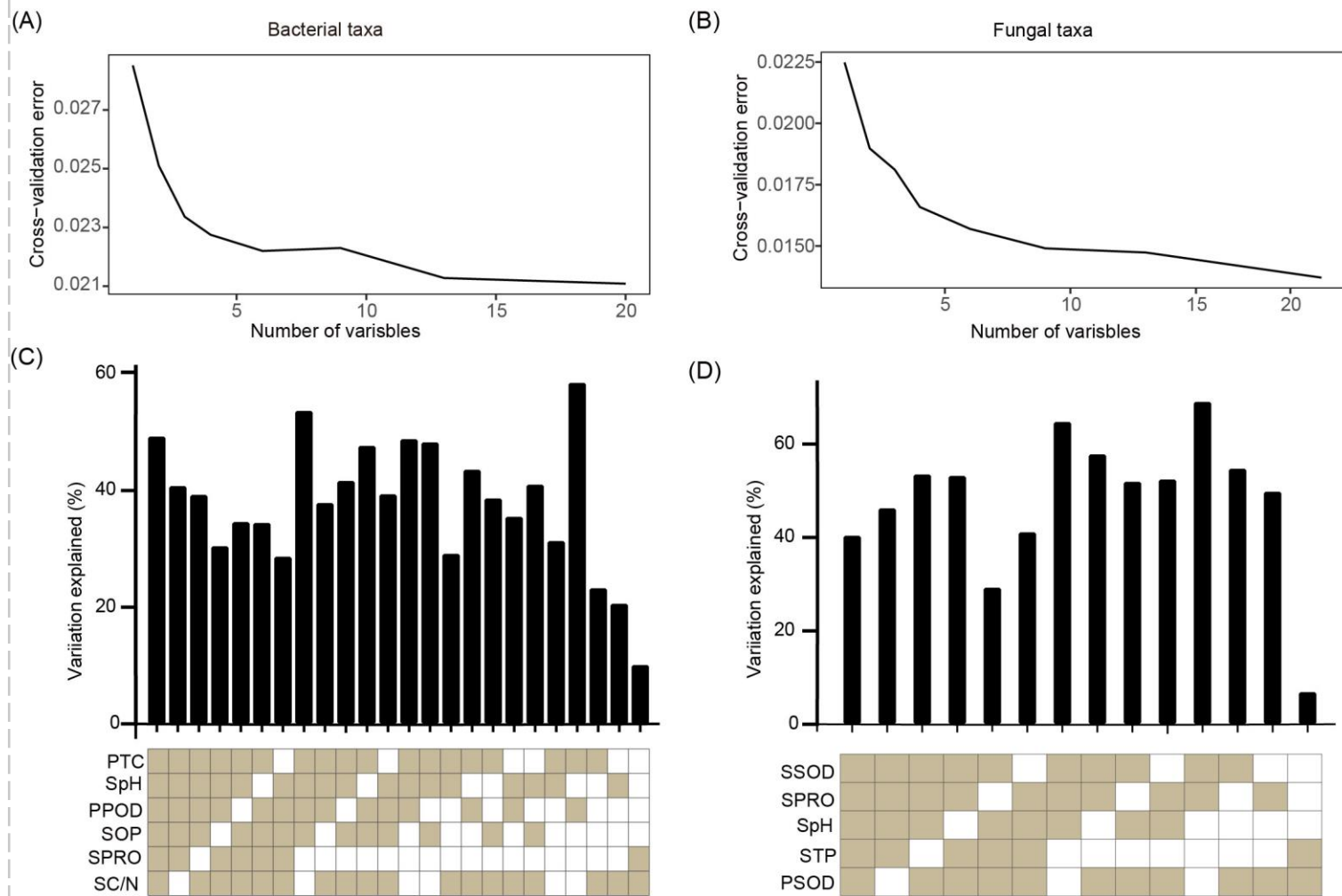
细菌和真菌群落全随机森林模型预测



- 细菌群落中有6个关键环境预测因子，主要预测因子是植物总叶绿素含量(PTC)，其次是土壤pH值，土壤总蛋白(SPRO)，土壤有机磷(SOP)，植物过氧化物酶(PPOD)和土壤碳氮比(SC/N)；
- 真菌群落中有5个关键环境预测因子，主要预测因子是土壤pH值，土壤超氧化物歧化酶(SSOD)，土壤总蛋白(SPRO)，土壤总磷(STP)和植物超氧化物歧化酶(PSOD)。

结果

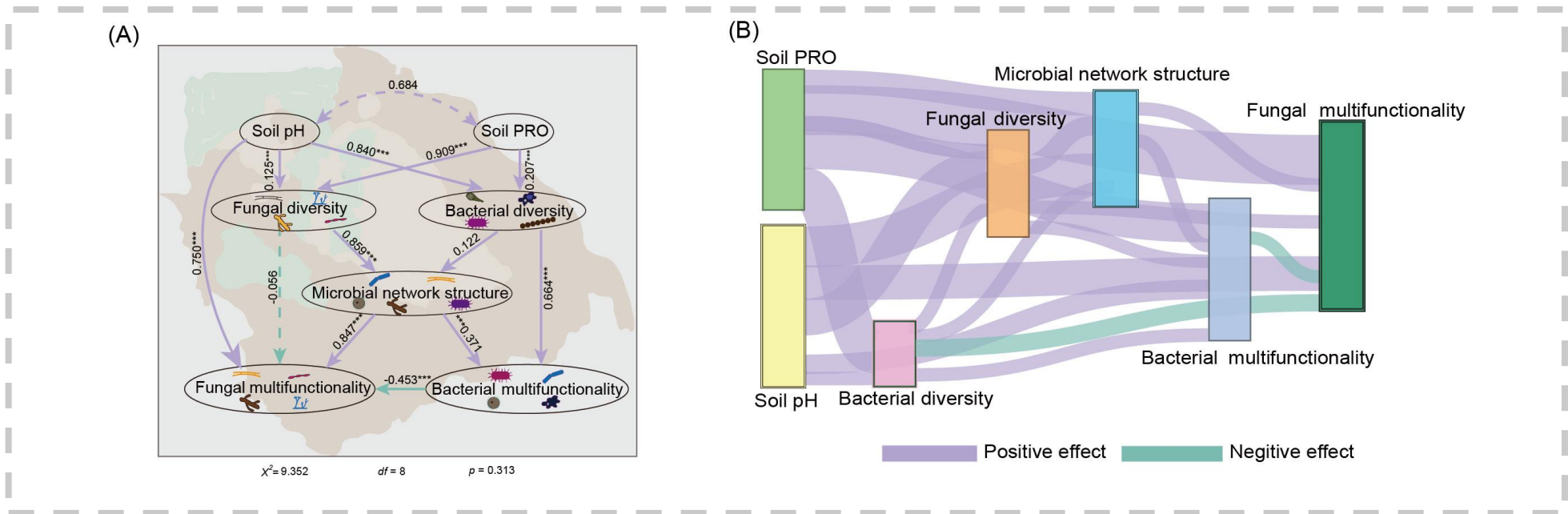
细菌和真菌部分随机森林模型预测



- 当细菌模型中包含四个变量时，交叉验证误差最小；当真菌模型中包含五个变量时，交叉验证误差最小
- 土壤微生物多样性与土壤pH和土壤PRO密切相关。

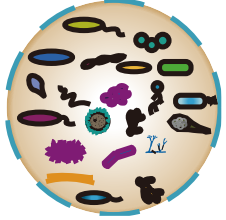
结果

环境因子介导了微生物的多样性和多功能性

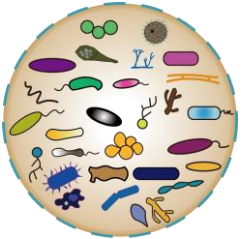


- 土壤pH和土壤PRO对细菌和真菌群落多样性具有显著的正向影响；
- 土壤pH值是真菌多功能性的主要贡献者，真菌多样性对微生物网络结构的贡献最大。

总结



Holocene basalt



Holocene granite



Late Pleistocene basalt

- 全新世玄武岩，花岗岩和晚更新世玄武岩的表层土壤微生物群落组成存在显著差异；
- 在火山环境下三种岩石表层土壤中细菌群落比真菌群落更稳定；
- 土壤PH值和土壤总蛋白对全新世玄武岩，花岗岩和晚更新世玄武岩的表层土壤微生物群落有显著影响。

Chen, Jin, Zishan Li, Daolong Xu, Qingchen Xiao, Haijing Liu, Xiaoyu Li, Lumeng Chao, Hanting Qu, Yaxin Zheng, Xinyan Liu, Pengfei Wang, and Yuying Bao. 2023. "Patterns and drivers of microbiome in different rock surface soil under the volcanic extreme environment." *iMeta*. e122. <https://doi.org/10.1002/imt2.122>



“iMeta”由威立、肠菌分会和华人科学家出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF > 15)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、50万用户的社交媒体宣传等。2022年的三月、六月、九月和十二月期已正式在线出版发行，相继被Google Scholar、PubMed(部分)、DOAJ、Scopus等数据库收录！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>



office@imeta.science



宣传片



iMeta

