

丛枝菌根真菌介导根际界面微生物重组削弱了镉的迁移动力

王洪瑞，杜欣然、张卓耘、冯富娟、张佳铭
东北林业大学生命科学学院

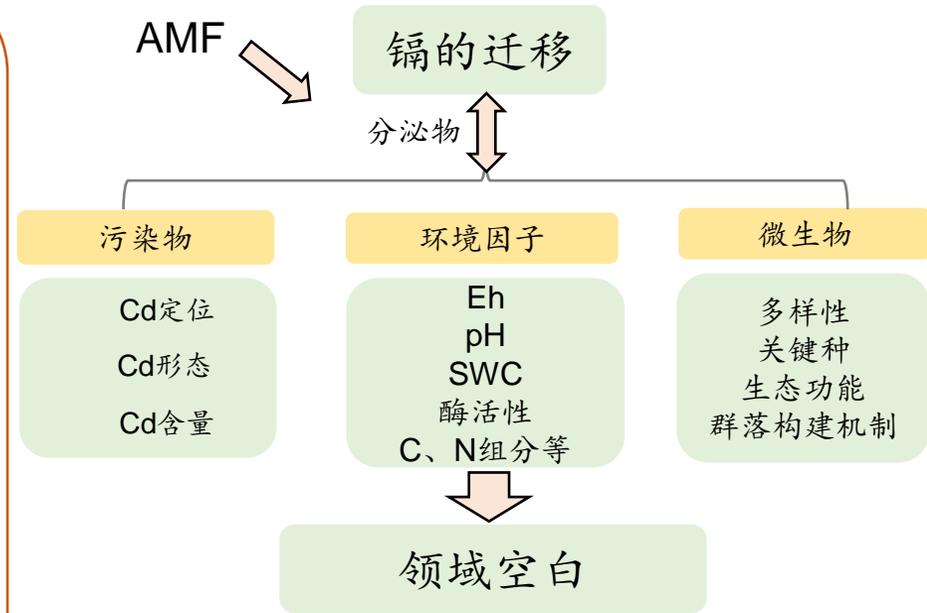
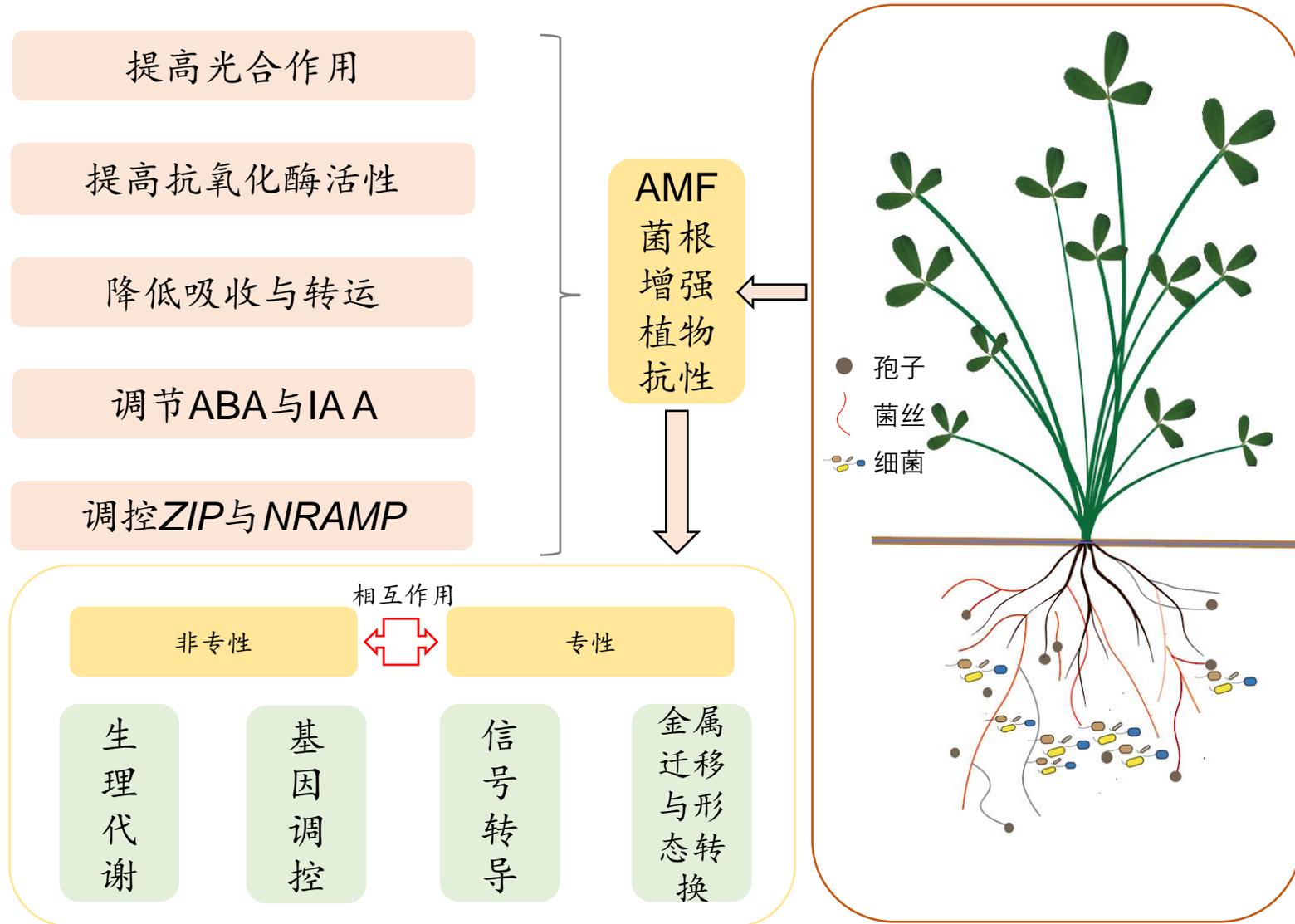


Hong-Rui Wang, Xin-Ran Du, Zhuo-Yun Zhang, Fu-Juan Feng, Jia-Ming Zhang. 2023. Rhizosphere interface microbiome reassembly by arbuscular mycorrhizal fungi weakens cadmium migration dynamics. *iMeta* 2: 133.

<https://doi.org/10.1002/imt2.133>



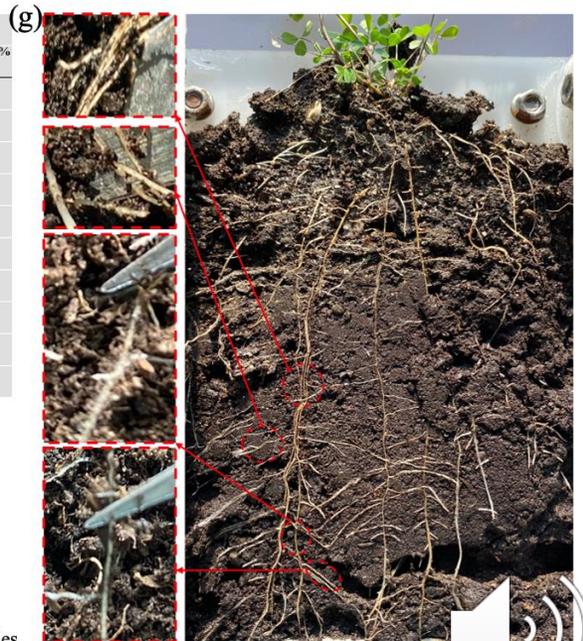
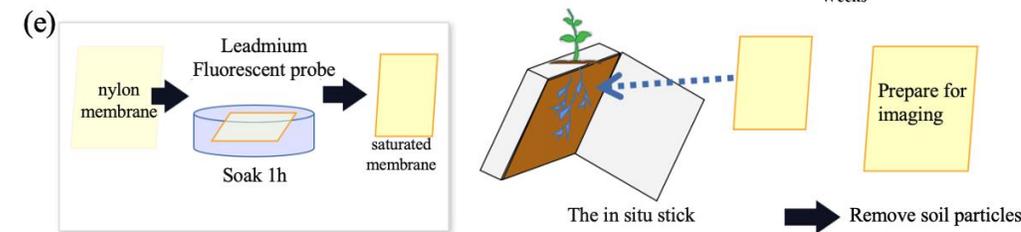
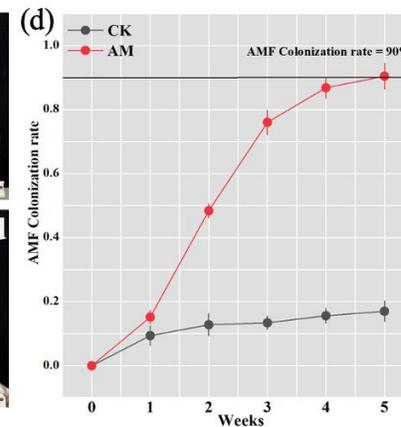
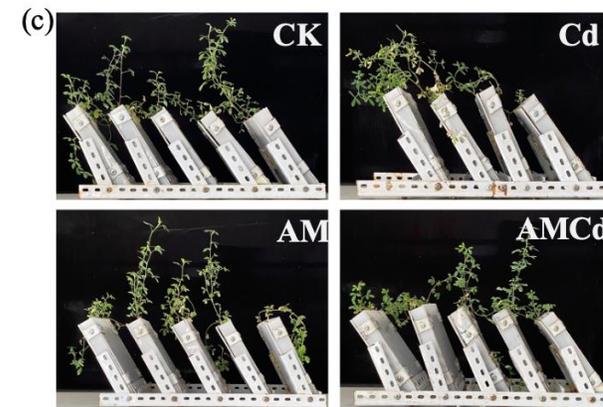
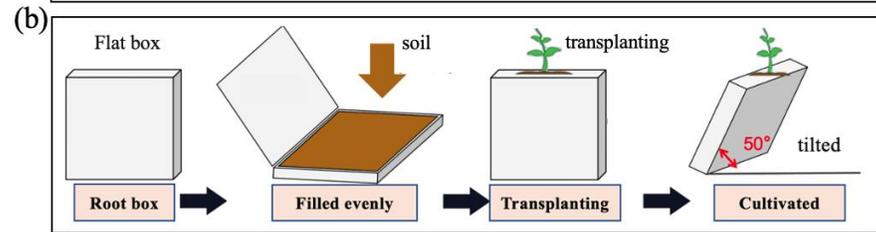
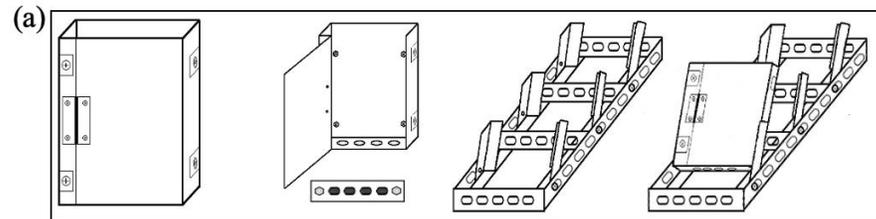
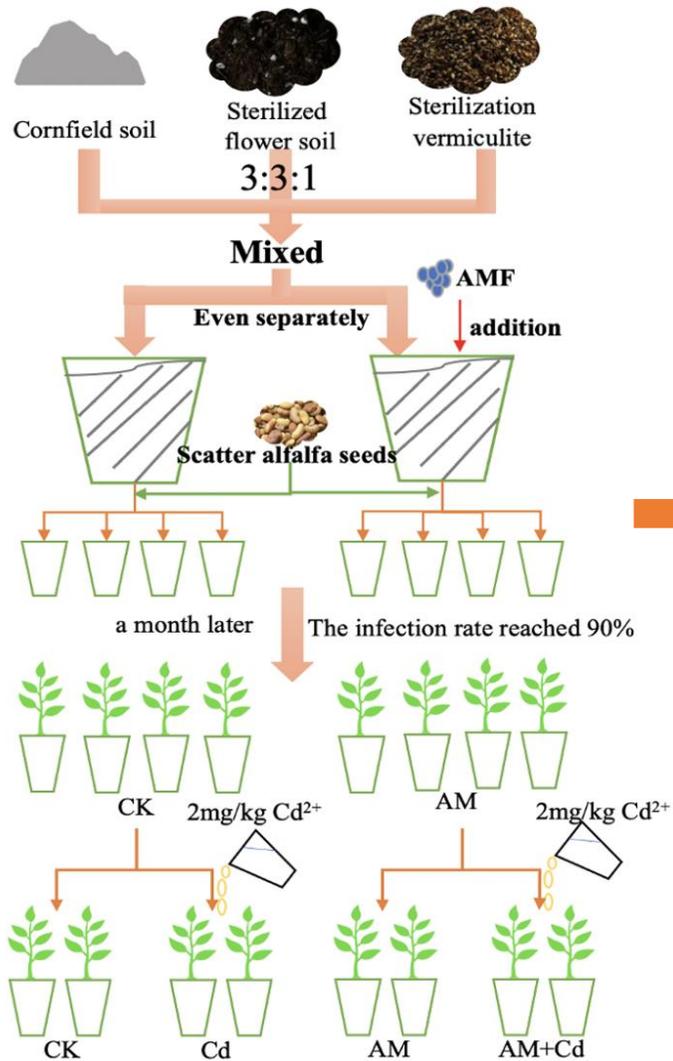
前言



- (1) AMF是否通过调节根际微域环境降低 Cd的生物有效
- (2) 根际代谢物在根际土壤微生物群落的系统发育过程中起什么作用，引发微生物群落重塑的“信号物质”是什么？
- (3) AMF 如何调控根际微环境中根系代谢物-土壤-微生物的互作关系来降低植物对 Cd 的吸收。

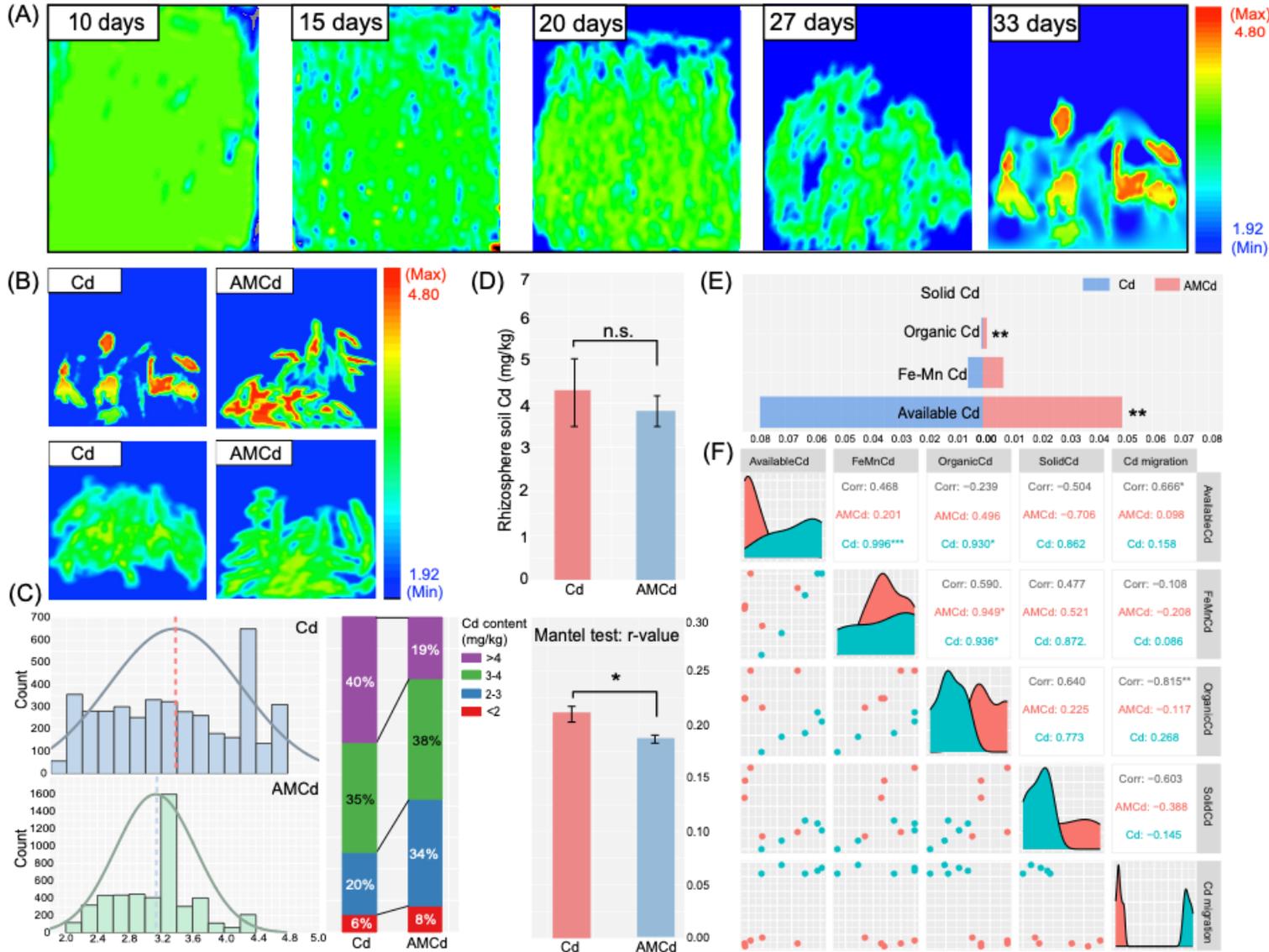


材料与amp;方法



结果

根际区间镉吸收热点的消失及镉有效态的变化



- 到第27天, Cd沿植株根系分布, 第33天出现Cd积累热点
- AMCd中的热点百分比低于暴露的Cd
- AMCd中的Cd浓度低于Cd暴露
- 有效镉转变为有机结合镉是镉热点弥散的原因



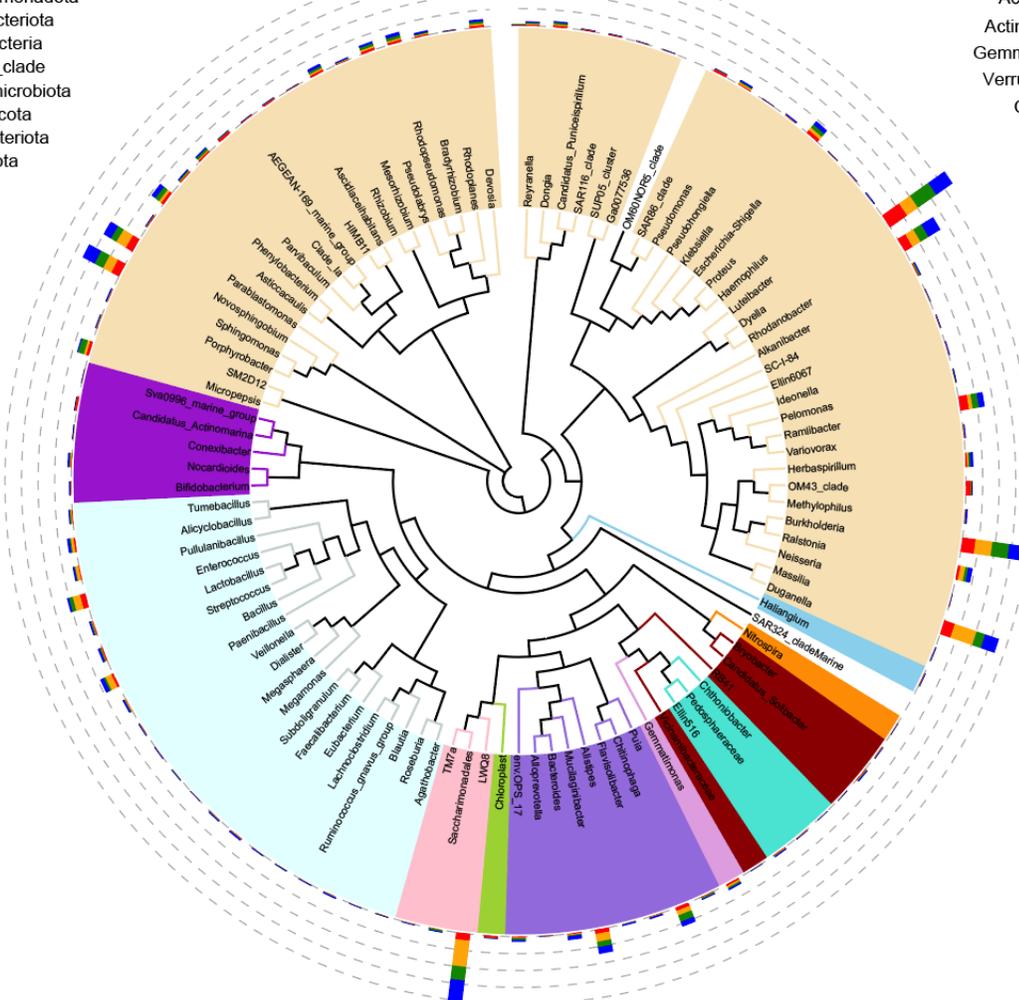
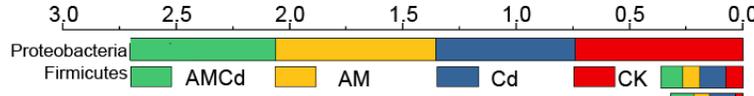
结果

根际土壤细菌群落的变化

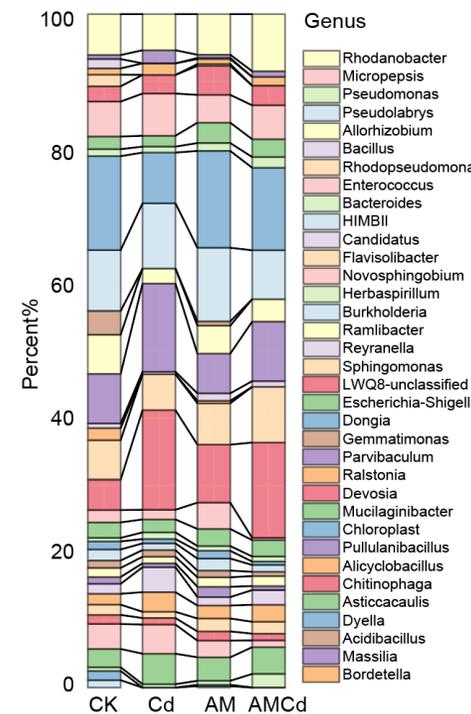
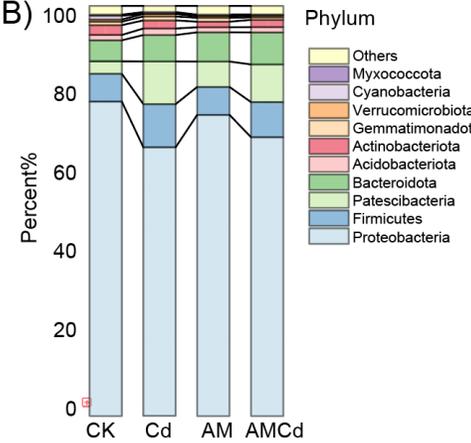
(A) Phylum

Abundance

CK
AMCd
AM
Cd



B)

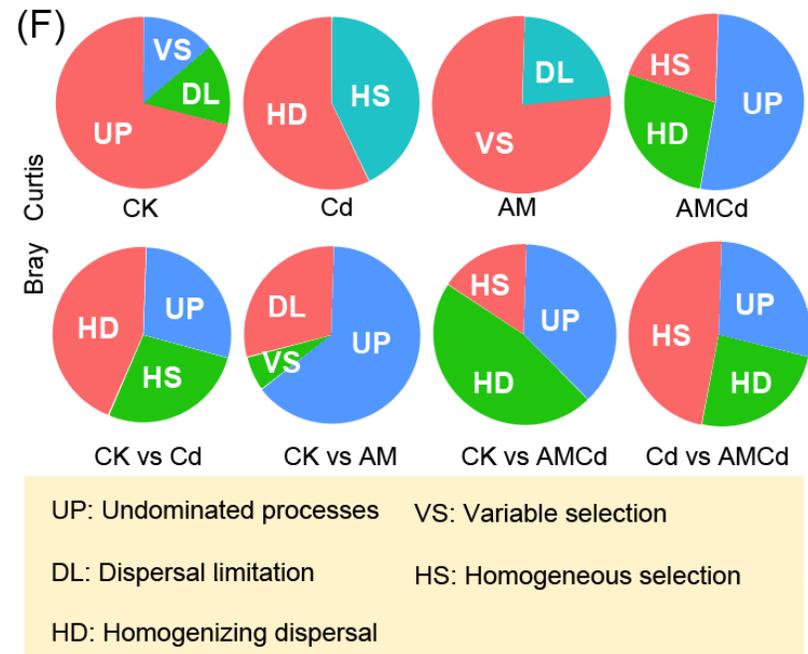
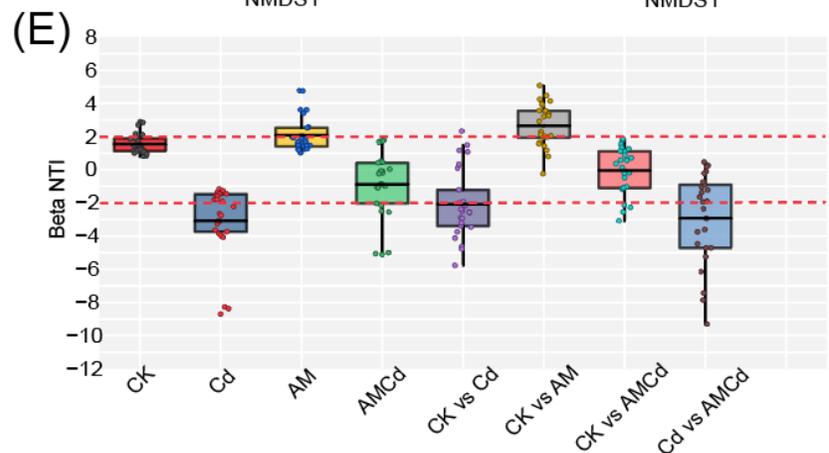
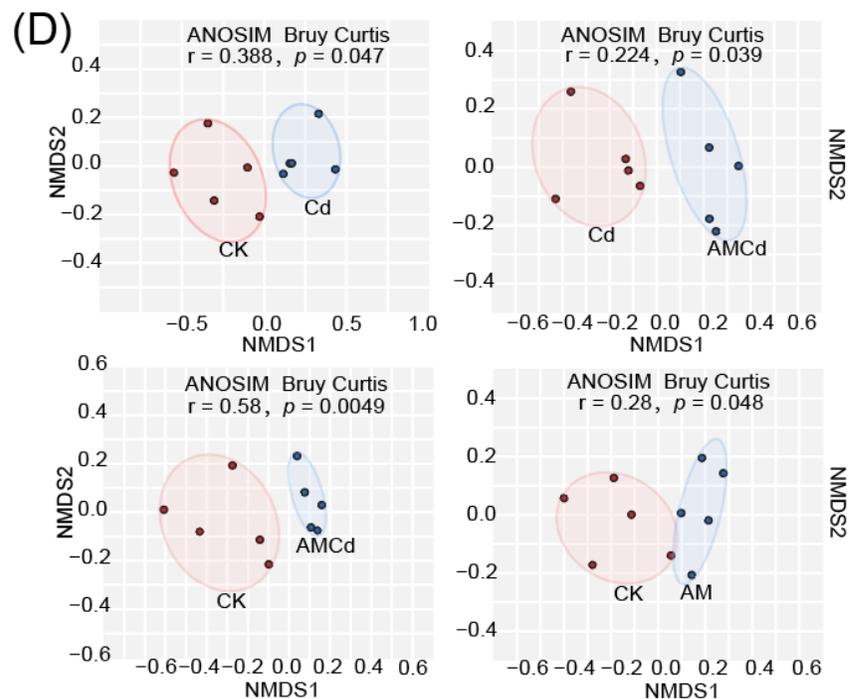
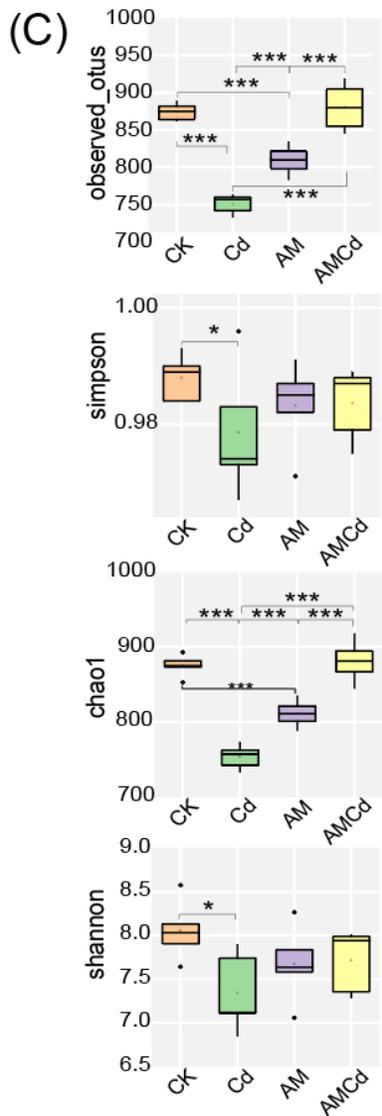


- 变形菌门最多，其次是厚壁菌门、髌骨菌门、拟杆菌门、放线菌门和酸杆菌门。
- 与对照相比，Cd处理后变形菌群和放线菌群显著减少
- 与Cd相比，AMCd处理的戴氏菌属和鞘单胞菌丰度均显著增加，甚至鞘单胞菌数量也高于CK，但戴氏菌属丰度与CK差异不显著



结果

根际土壤细菌群落的变化

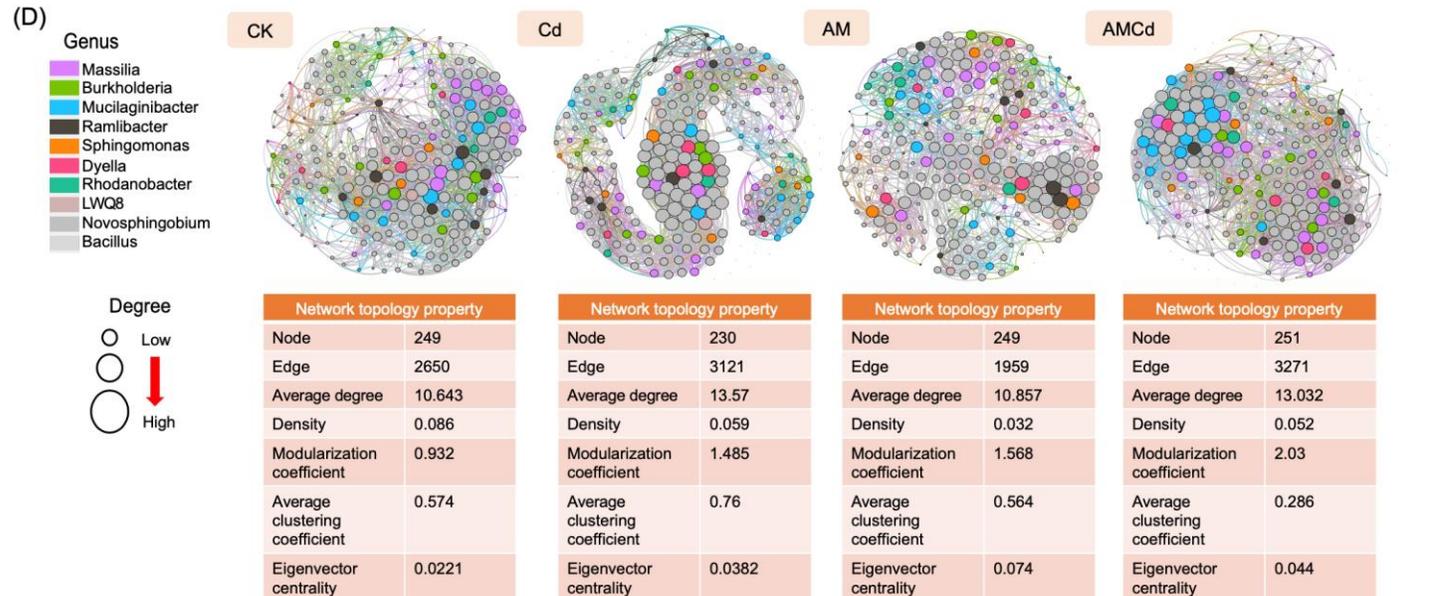
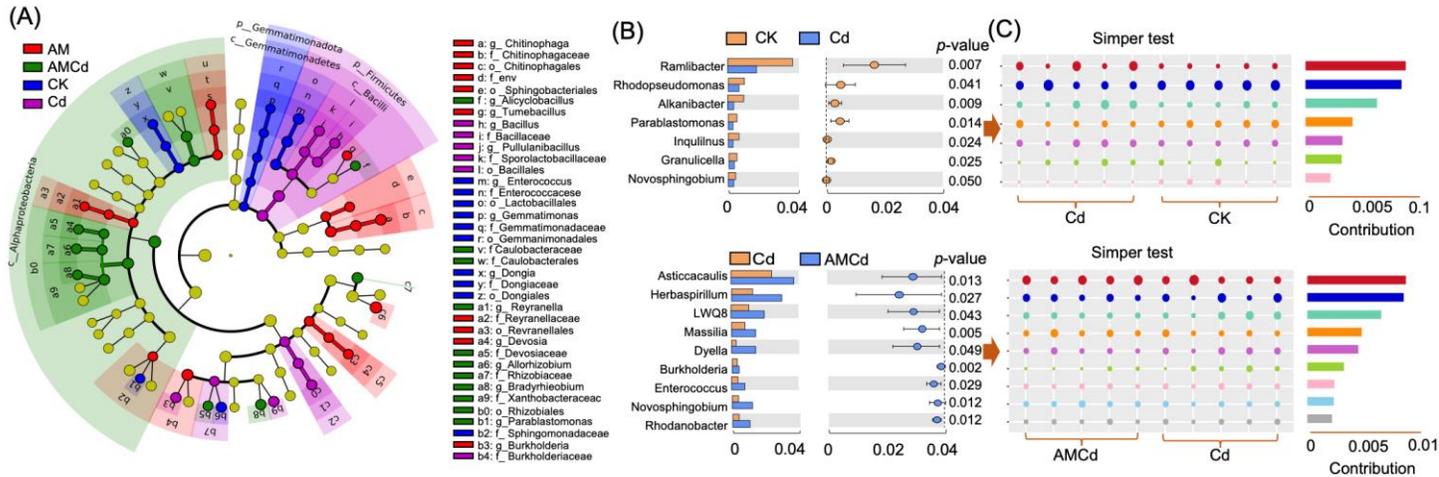


- AM处理和Cd暴露导致细菌群落的变化
- CK和AMCd处理是随机过程, Cd和AM处理是确定性过程
- Cd和AM都是影响细菌群落聚集的主要因素, 并趋向于确定性过程;但前者是同质选择, 后者是变量选择



结果

细菌生物标志物与关键种



T-检验

- 在CK和Cd中显著不同的是拉姆利杆菌和红假单胞菌
- 在Cd和AMCd中分别是不粘柄菌属和拟杆菌属

SIMPER 分析

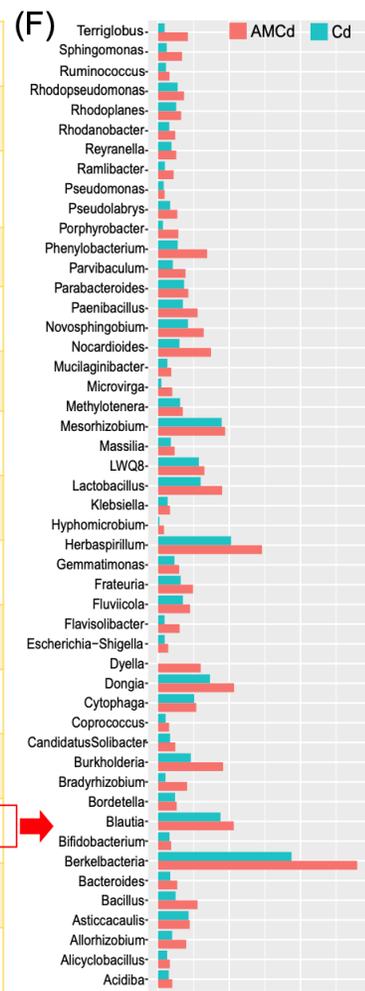
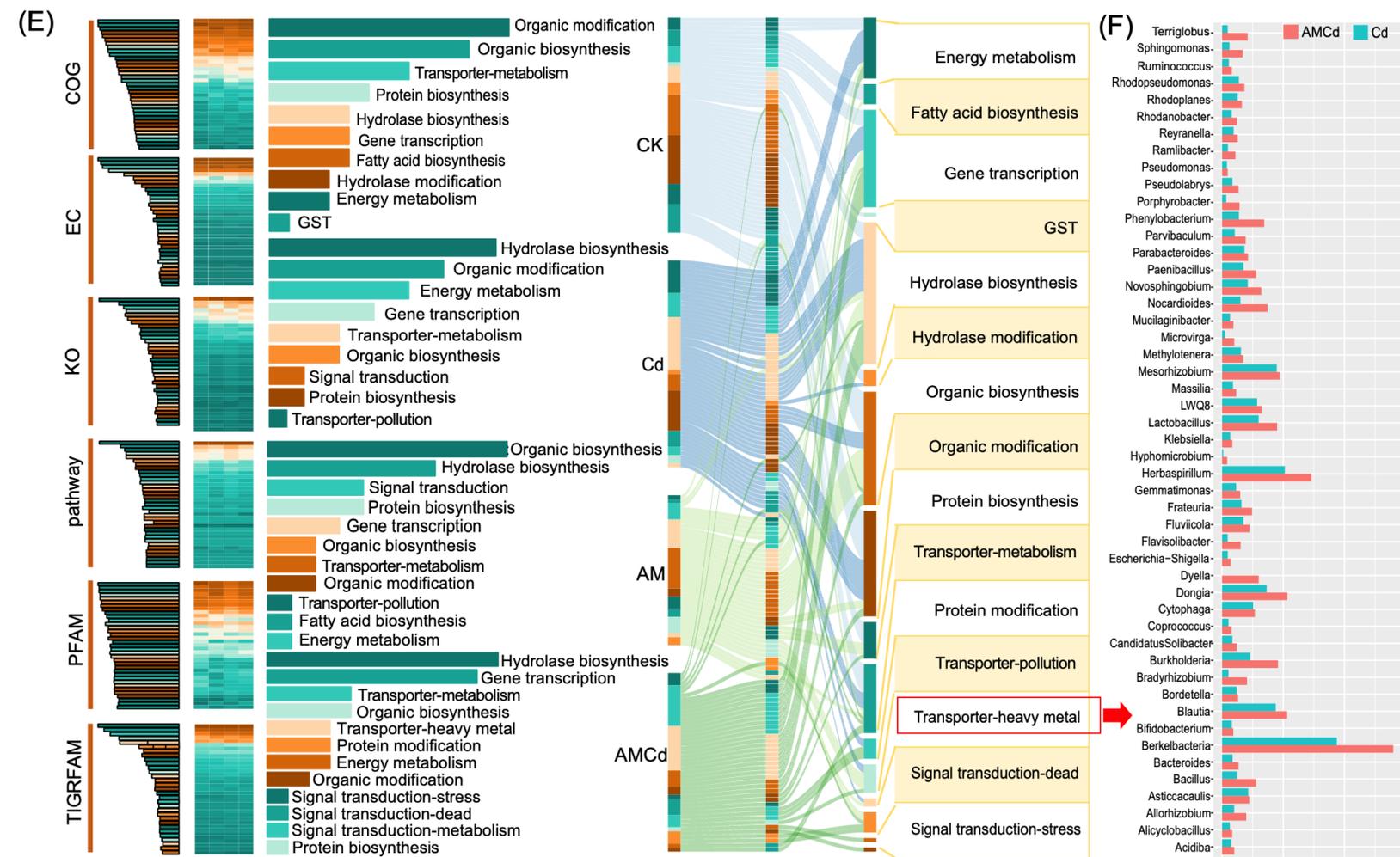
- CK vs. Cd和Cd vs. AMCd的前五位贡献者分别是LWQ8、马赛菌属、戴氏菌属、伯克霍尔德菌和肠球菌

关键种

- CK的关键种菌是不粘柄菌属、甲基杆菌属、鞘氨醇单胞菌等 (9属)。
- Cd处理组为罗丹诺杆菌、痢疾杆菌和伯克霍尔德菌等。
- AMCd包括细小棒菌、马赛菌属和另枝菌属等8个属，部分关键种与CK (LWQ8、Ramlibacter)和Cd (Massilia)重叠
- AMF和Cd可以通过招募各自偏好的关键建群种构建细菌群落

结果

AMF招募能够钝化重金属的细菌

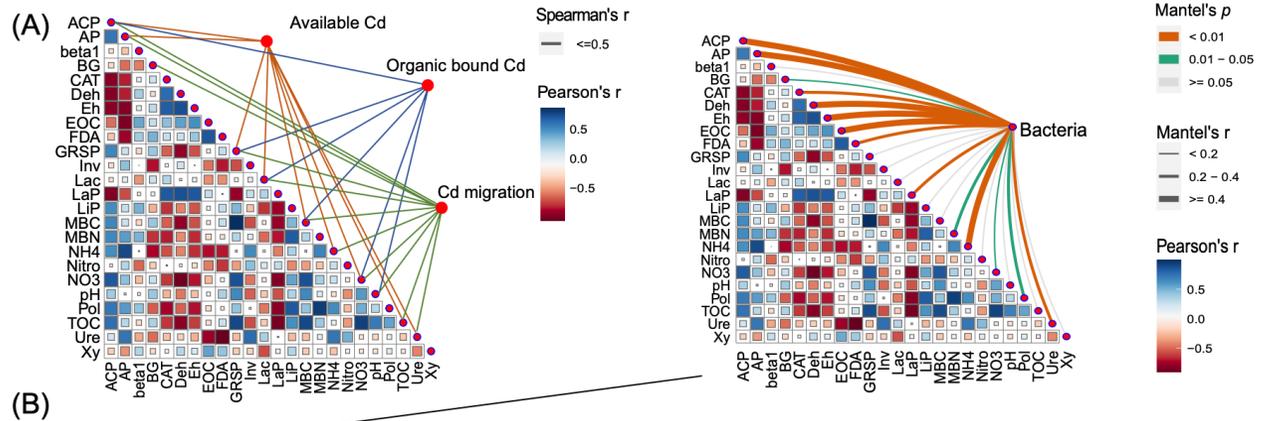


- 信号转导、程序性凋亡信号、重金属转运和代谢物转运增加 (AMCd vs. Cd)
- 选择具有重金属运输(污染物去除)功能的AMCd处理中微生物的增加情况。
- 49个属的丰度显著增加
- 上述细菌可以吞噬、吸附或包埋重金属;它们被命名为HM- Remover



结果

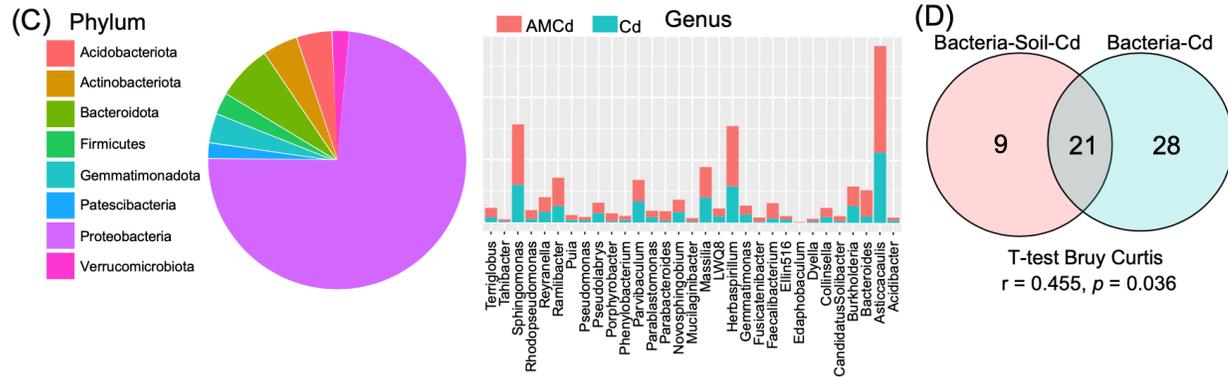
土壤因子与镉热点降低的关系



- 酸性磷酸酶、脲酶、NO₃-N、NH₄-N、AP、β-葡聚糖酶和苯酚氧化酶不仅与Cd钝化有关，而且与细菌有关
- 酸杆菌门、放线菌门、拟杆菌门、厚壁菌门、双单胞菌门、变形菌群和疣微菌门
- 这些细菌中约有63%是HM-Remover，间接或直接影响土壤和Cd的迁移

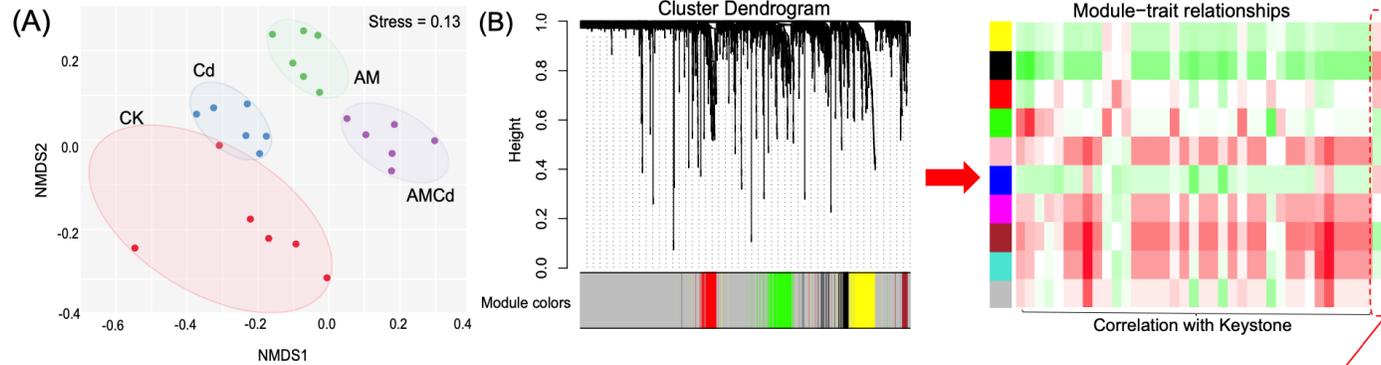
(B)

	*	*	*	*	*		*	*		*	*
	Ure	ACP	NO3	NH4	AP	Lap	CAT	Pol	BG	FDA	Eh
EOC											
Alicyclobacillus	Ellin6067	Acidibacter	Asticcocaulis	Acidibacter	Acidibacter	Massilia	Alicyclobacillus	Burkholderia	Bacteroides	Alicyclobacillus	Alicyclobacillus
Burkholderia		Asticcocaulis	Dongia	CandidatusSolibacter	Devosia		Bacillus				Bordeletella
Dyella	LineageIV	Burkholderia	Edaphobaculum	Devosia	Dongia	Massilia		Dongia	CandidatusSolibacter	Burkholderia	Massilia
Helimonas		Dongia	Faecalibacterium	Dongia	Ellin6067		Mucilaginibacter	Mucilaginibacter	Parvibaculum	Collinsella	
Massilia	Novospongobium	Edaphobaculum	Fusicatenibacter	Ellin516	Ellin6067	Nocardioides	Mucilaginibacter	Phenylobacterium	Dyella	Massilia	
Mucilaginibacter	Parablastomonas	Parabacteroides	Mucilaginibacter	Ellin6067	Gemmatimonas		Nocardioides	Nocardioides	Haliangium		Mucilaginibacter
Paenibacillus	Ramlibacter	Parablastomonas	Phenylobacterium	Novospongobium	Novospongobium	Sphingomonas	Paenibacillus	Phenylobacterium	Herbaspirillum	Mucilaginibacter	Paenibacillus
Pullulanibacillus		Phenylobacterium	Porphyrobacter	Parablastomonas	Parablastomonas		Sphingomonas	Pseudotolabrys	Herbaspirillum	Massilia	Paenibacillus
Sphingomonas	Tahibacter	Puia	Rhodopseudomonas	Phenylobacterium	Phenylobacterium		Pullulanibacillus	Massilia		Sphingomonas	Sphingomonas
		Reyranelia	Sphingomonas	Pseudotolabrys	Pseudotolabrys		Pseudomonas	Sphingomonas	Sphingomonas	Sphingomonas	Subdoligranulum
		Terriglobus	Terriglobus	Ramlibacter	Ramlibacter						

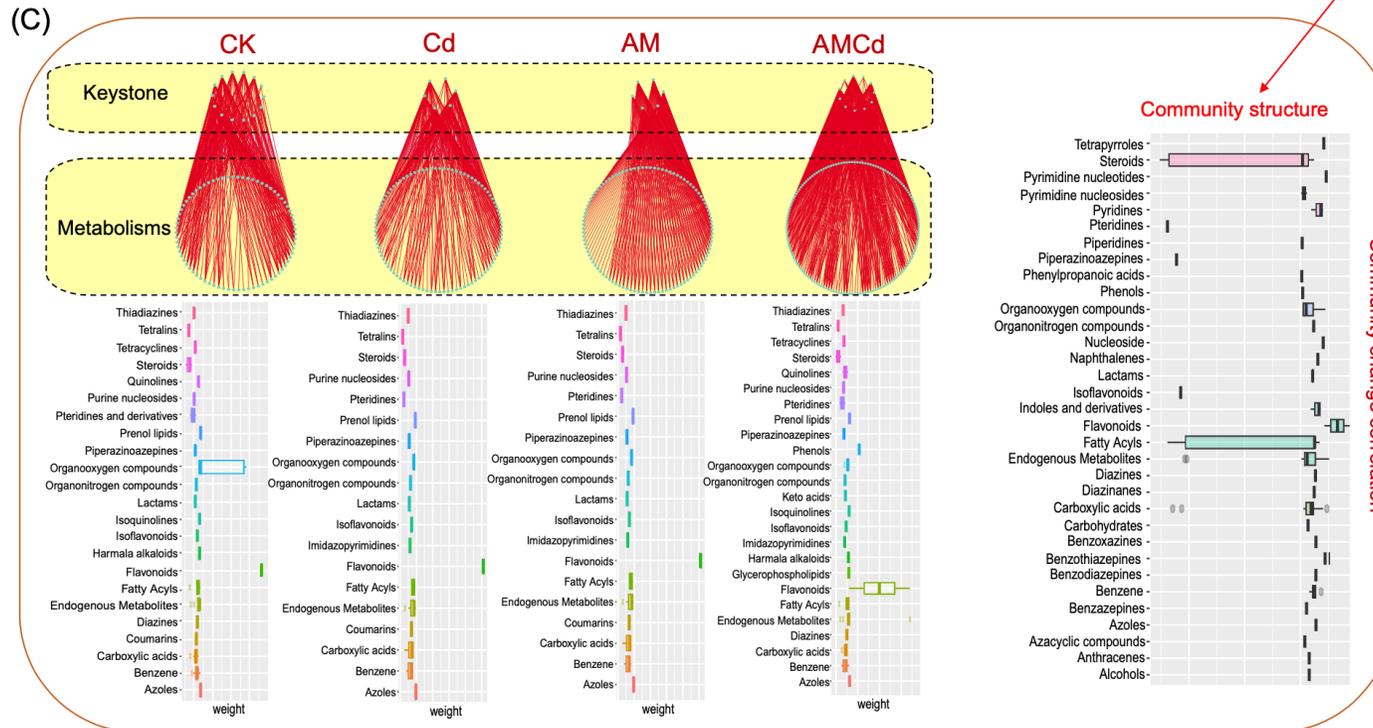


结果

根际微生物群与代谢产物的关联

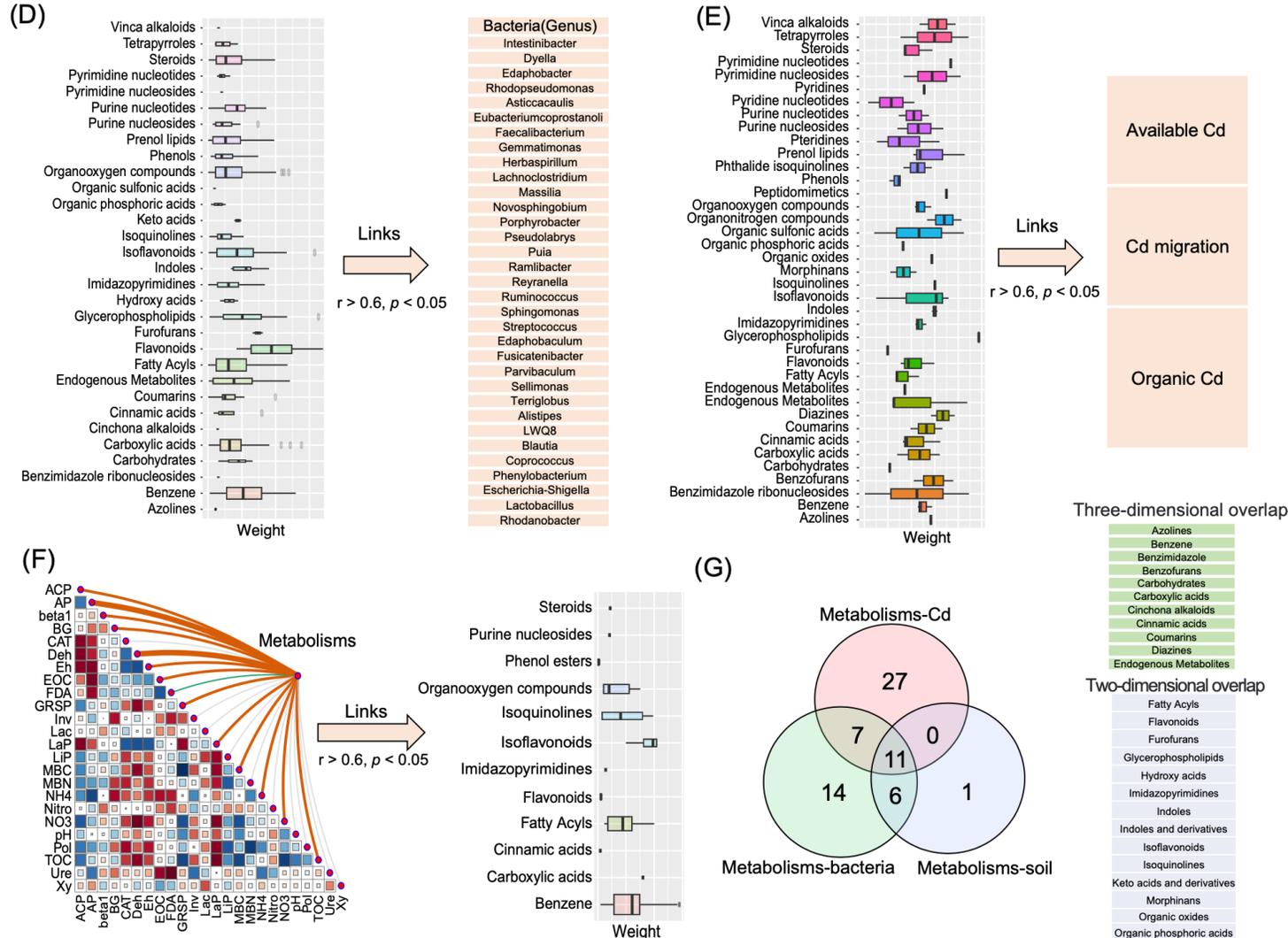


- 类黄酮代谢物被认为是影响群落变化的关键枢纽
- AMF通过增加类黄酮含量改变了细菌群落



结果

代谢产物对多种因素的影响



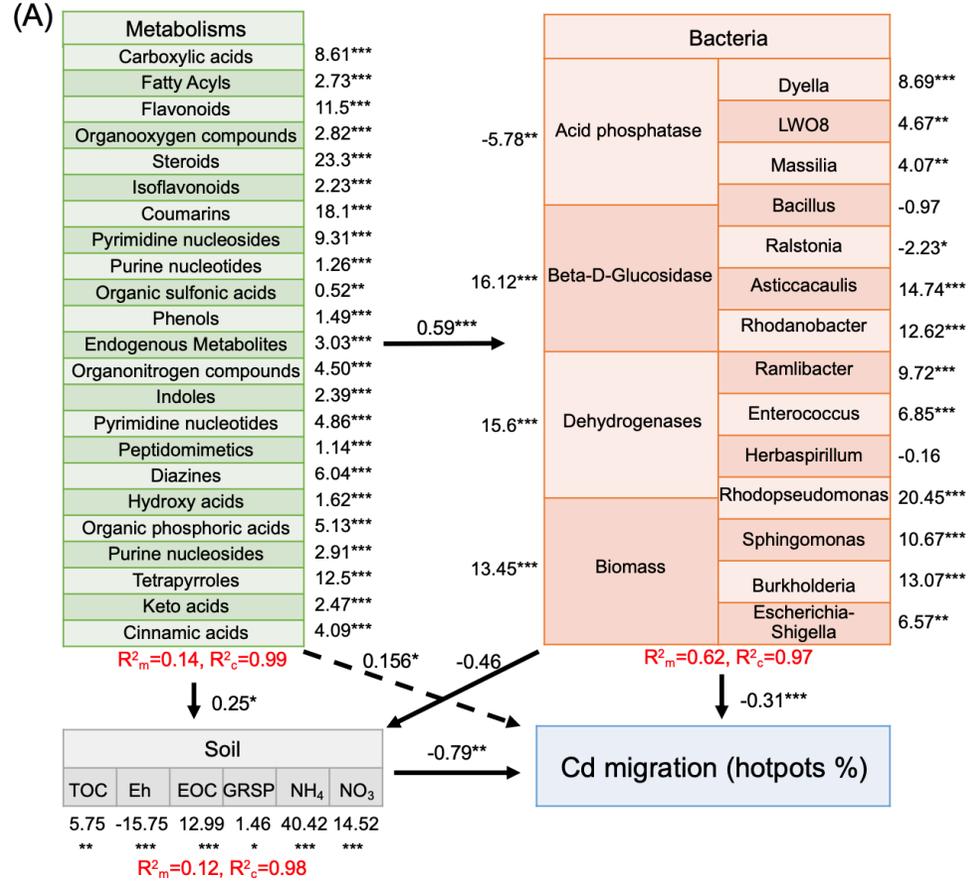
➤ 使用加权代谢物-微生物共表达网络分析，Spearman相关模型和Mantel测试，可以影响细菌和土壤特性的代谢物

➤ 11种代谢物有三元重叠，14种物质有二元重叠，表明代谢物、微生物和土壤性质可以直接钝化Cd，并且它们之间存在复杂的相互作用。

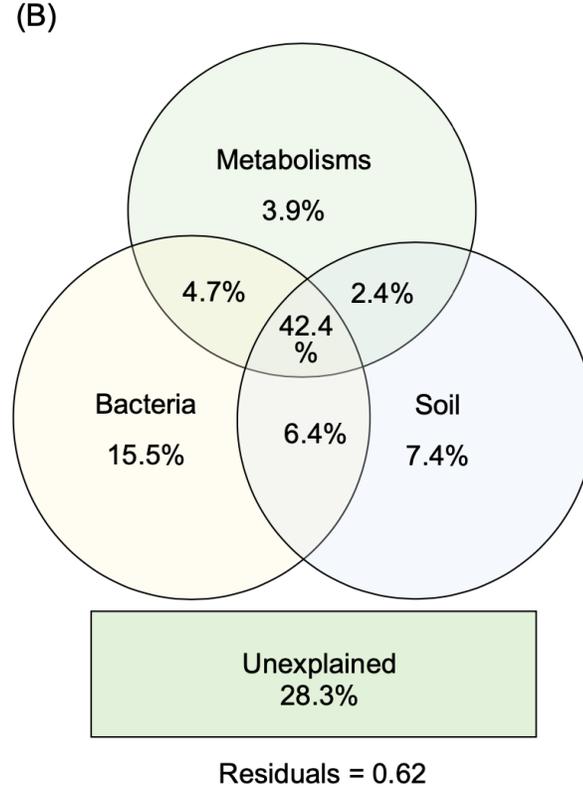


结果

AMF通过对代谢-微生物-土壤的调节使根际镉钝化



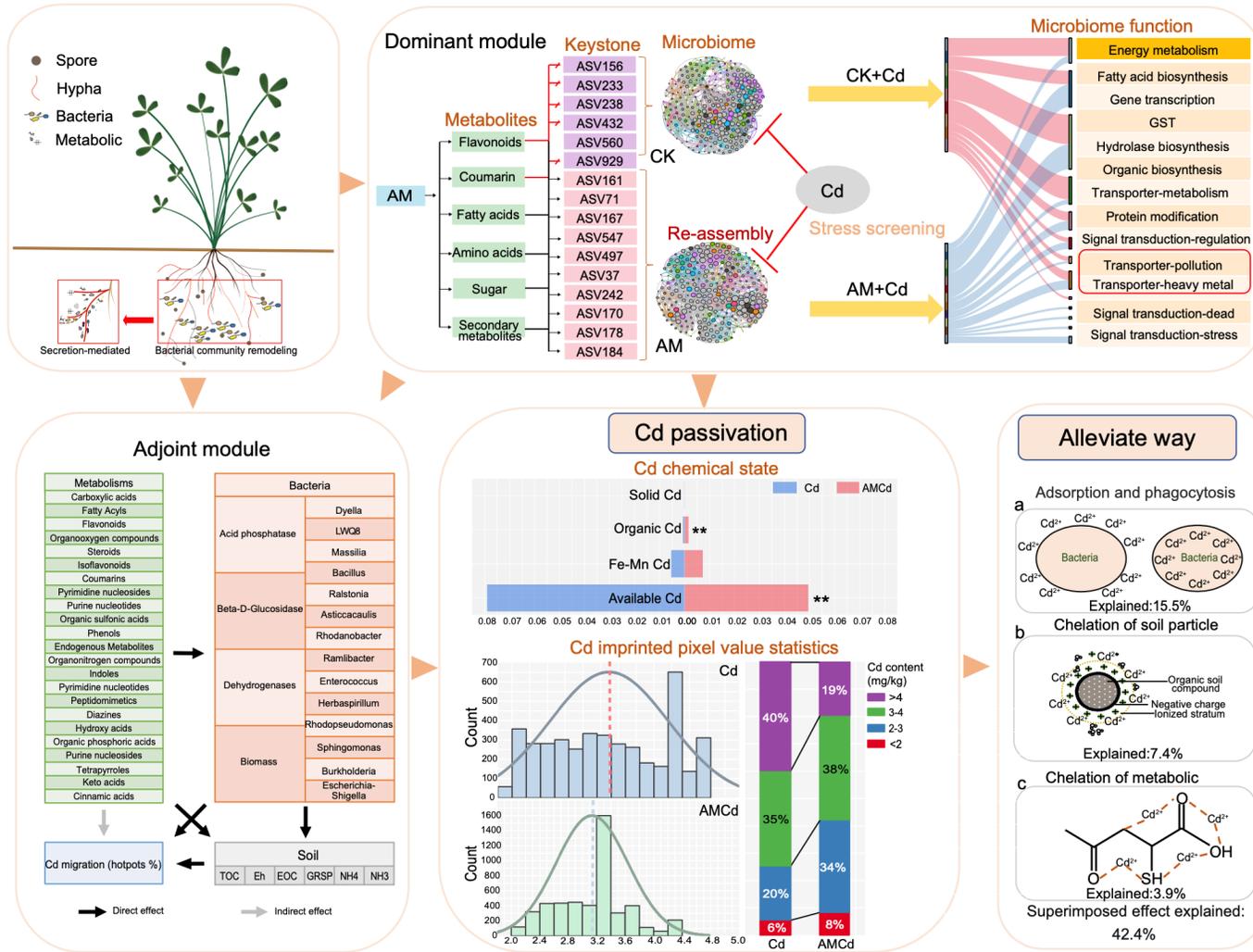
Fisher's C = 9.485, p-value = 0.035, df = 8
 AIC = 33.63, BIC = 95.87



- Cd的迁移能力通过“代谢物-微生物-土壤-Cd”、“代谢物-土壤-Cd”、“代谢物-土壤-Cd”两种间接作用方式和“代谢物-Cd”直接作用方式降低。
- VPA发现，三者的联合作用可以降低Cd迁移的最大解释率(42.4%); 微生物单项解释率最大(15.5%), 且微生物的总解释率达到72%;
- 微生物重塑在减少镉迁移中发挥了重要作用。



总结

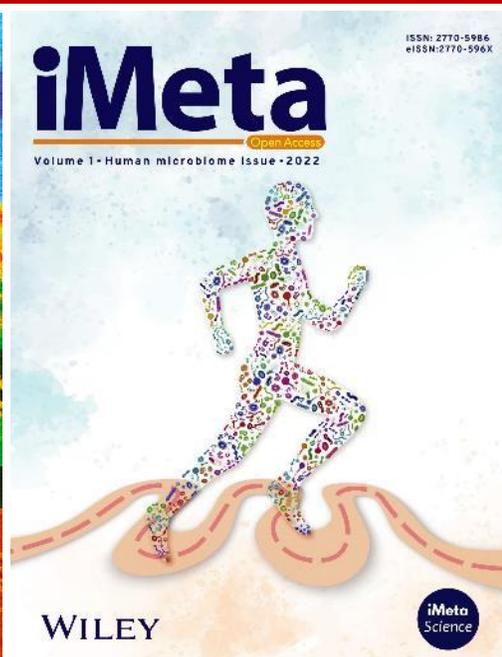
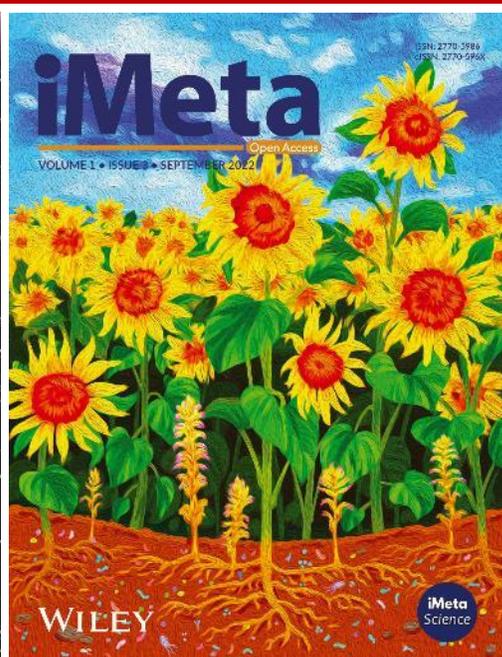


- 在苜蓿根部代谢活动的控制是实现其与与根际微生物群有益互作的关键
- AMF在促使根际特异性地组装重金属抗性微生物组的细菌, 这反过来又降低了镉的迁移
- 有助于充分认识根际微生物群、寄主代谢调节和土壤因子之间的因果关系
- AMF促进苜蓿根际分泌黄酮可能是招募HM- Remover的原因

Hong-Rui Wang, Xin-Ran Du, Zhuo-Yun Zhang, Fu-Juan Feng, Jia-Ming Zhang. 2023. Rhizosphere interface microbiome reassembly by arbuscular mycorrhizal fungi weakens cadmium migration dynamics. *iMeta* 2: 133.

<https://doi.org/10.1002/imt2.133>





“iMeta”是由威立、肠菌分会和本领域数百位华人科学家合作出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江研究员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、六月和九月期已正式在线出版发行!



主页: <http://www.imeta.science>

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



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



office@imeta.science



[iMeta](#)

[宣传片](#)

