

干旱荒漠地衣结皮关键微生物组的宿主选择趋势

张婷婷^{1,2}, Martin Grube³, 魏鑫丽^{1,2}

¹中国科学院微生物研究所

²中国科学院大学

³奥地利格拉茨大学



Zhang, Tingting, Martin Grube, Xinli Wei. 2023. “Host selection tendency of key microbiota in arid desert lichen crusts”. **iMeta** e138. <https://doi.org/10.1002/imt2.138>

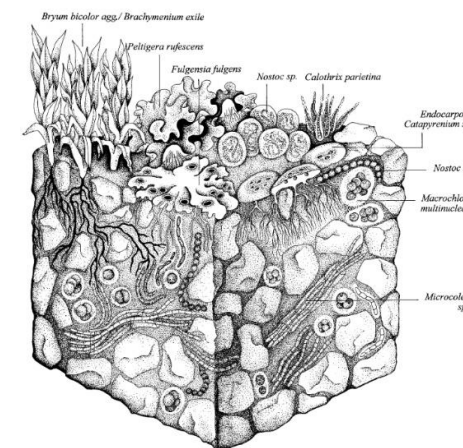


研究背景

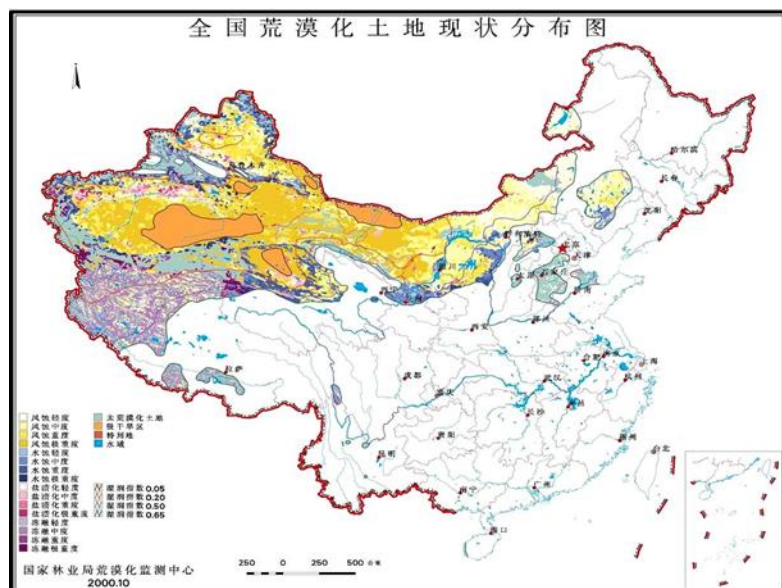
荒漠化土地约占我国国土面积的27.2%，沙化土地约占17.9%。

年降水量小于200mm、蒸发量大，维管植物难以大面积连续而已斑块状分布，为微型生物结皮提供了生态位。

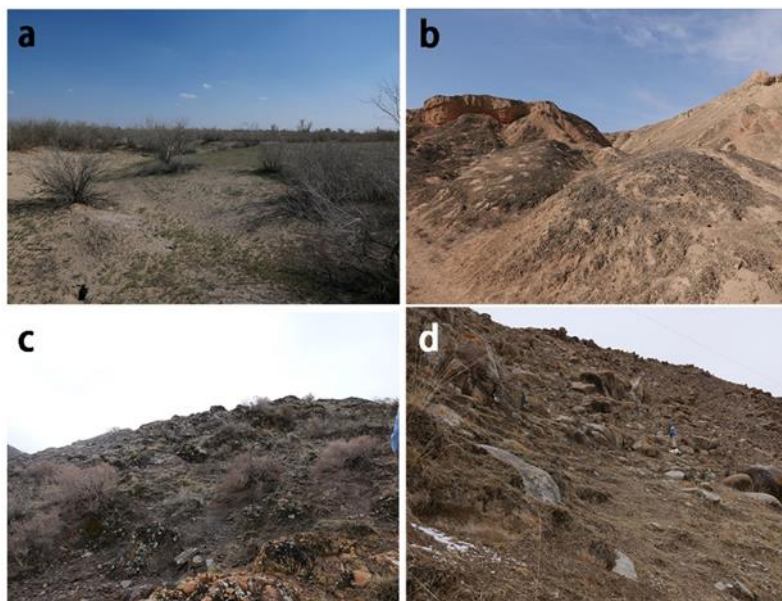
微型生物结皮Biological Soil Crust: BSC，是由蓝细菌、藻类、微型真菌、地衣、苔藓组成的几毫米的土壤“硬壳”，被称作“沙漠皮肤”。



引自Belnap et al. 2001



图片引自网络



荒漠景观（张婷婷摄）



新疆梧桐沟治沙站（张婷婷摄）



研究背景

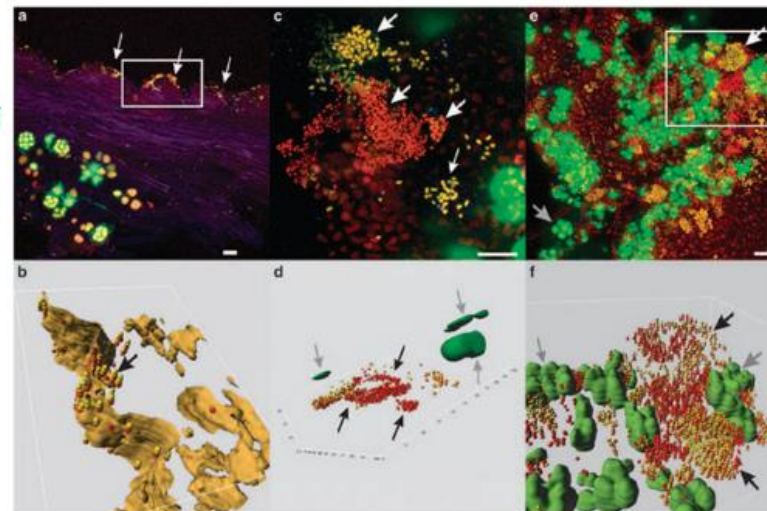
地衣是由真菌（共生菌）与藻类和/或蓝细菌（光合共生物）组成的共生体，同时还共存着细菌和真菌等相关微生物。

地衣体内细菌多样性高且在不同地衣物种中普遍存在，可能参与营养供应、抵抗生物和非生物胁迫、光合作用、解毒和地衣体降解等生命活动。



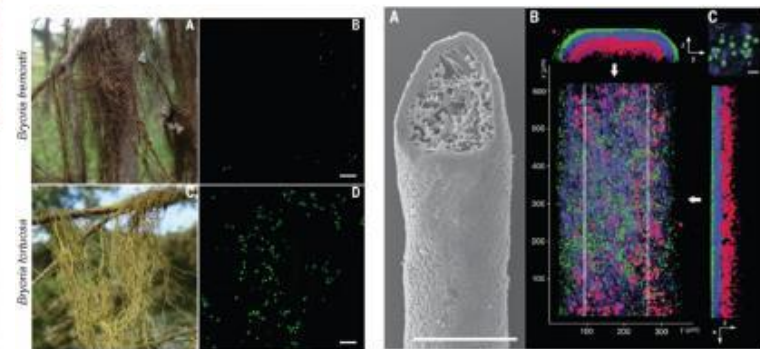
图引自Science Photo Library. 中文注释: 魏鑫丽

地衣内生细菌



地衣皮层生真菌

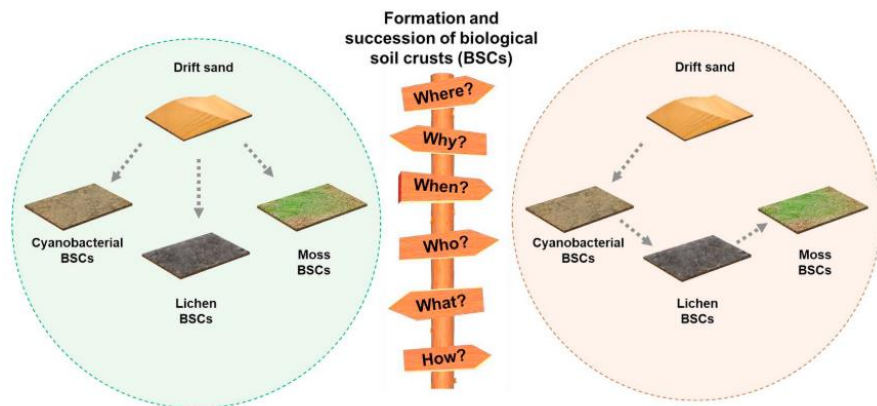
Basidiomycete yeasts in the cortex of ascomycete macrolichens



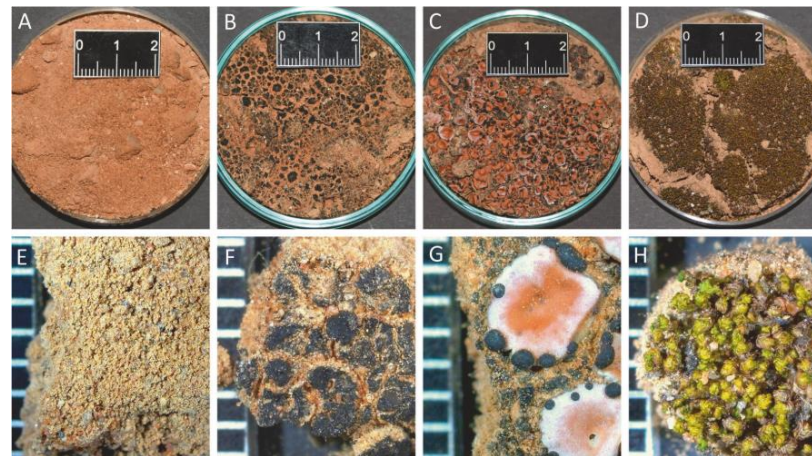
研究背景

条件适宜时，流沙会按照蓝细菌结皮、地衣结皮、苔藓结皮的顺序演替。
部分土生地衣物种有发达的假根，连接表层地衣体和生长基物。

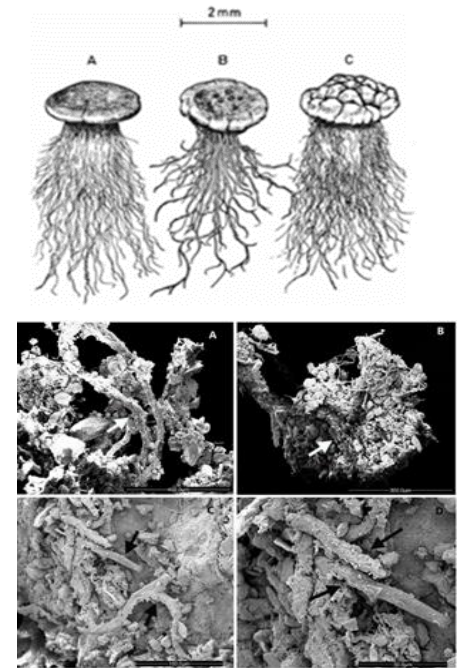
生物结皮演替



结皮主体物种影响结皮微生物群落结构



地衣假根的生态意义

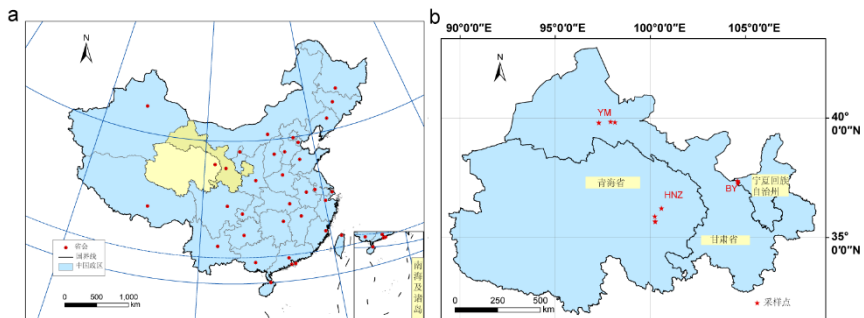


研究方法

科学假设

地衣可以从环境中有针对性地选择与其共存的微生物，以维持其自身的稳态

2020.10 荒漠采样



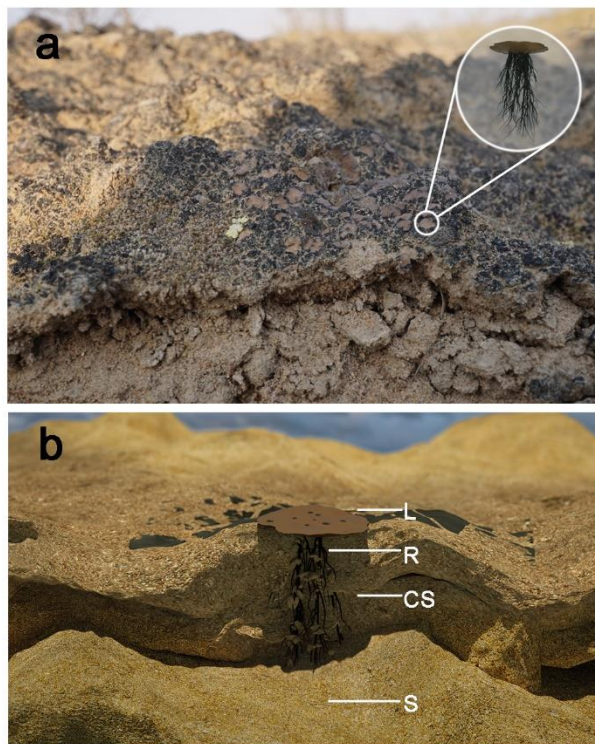
HNZ

YM

BY



分层取样



L: 表层地衣体
R: 地下假根
CS: 结皮土 (<5mm)
S: 非结皮土 (>5mm)

实验方法

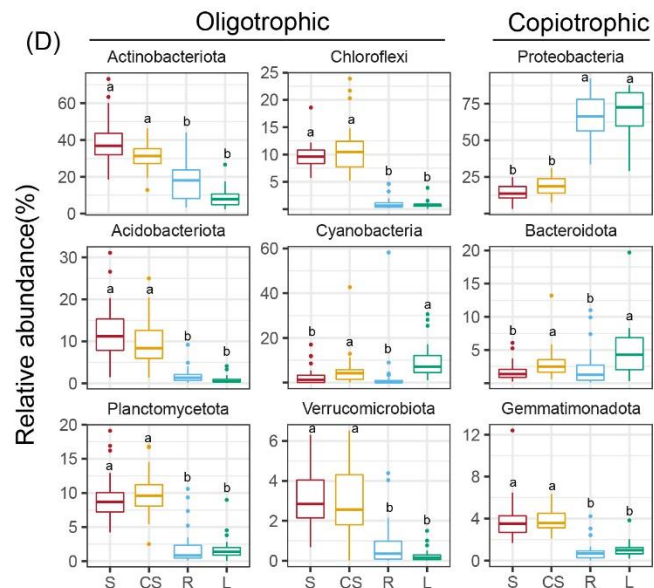
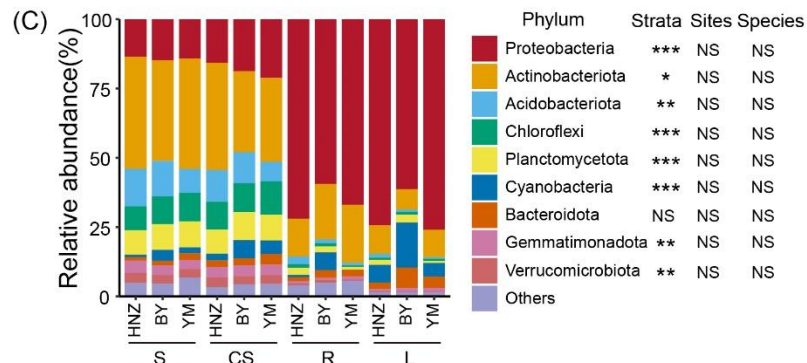
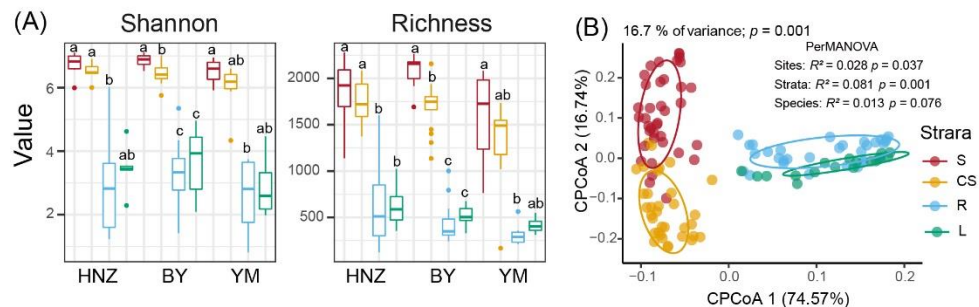
- 3 地点 (HNZ、YM、BY)
- 4 部位 (S、CS、R、L)
- 2 物种 (*E. adsurgens*, *E. pusillum*)

120份样品

16S rDNA细菌群落高通量测序



结果1



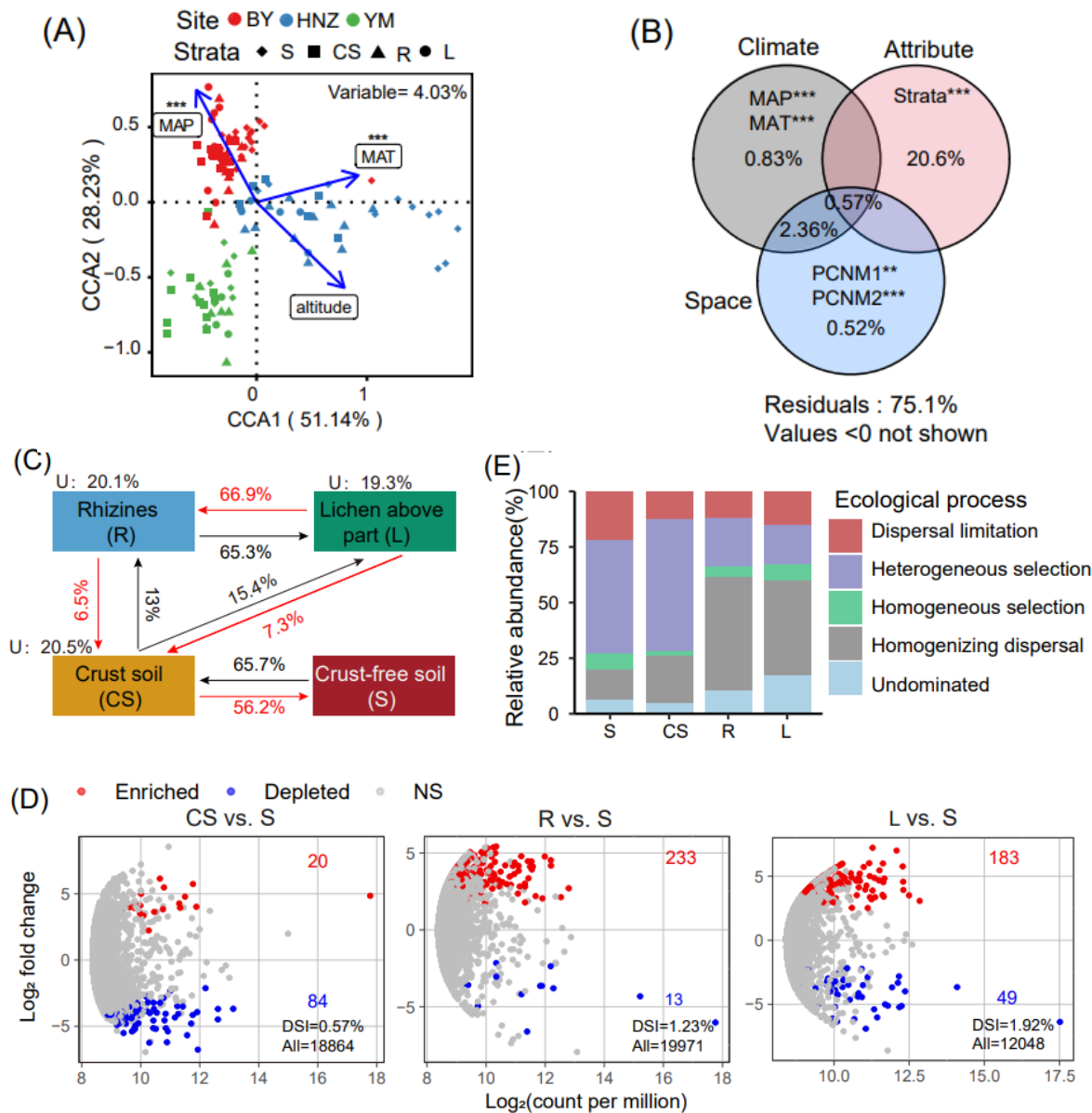
α 多样性呈S、CS、L、R递减
垂直取样部位显著影响 β 多样性

取样部位对物种组成影响更大

土壤样品中富集了寡营养型细菌
细菌样品中富集了富营养型细菌



结果2



年平均气温MAT、年平均降水量MAP显著影响细菌群落组成

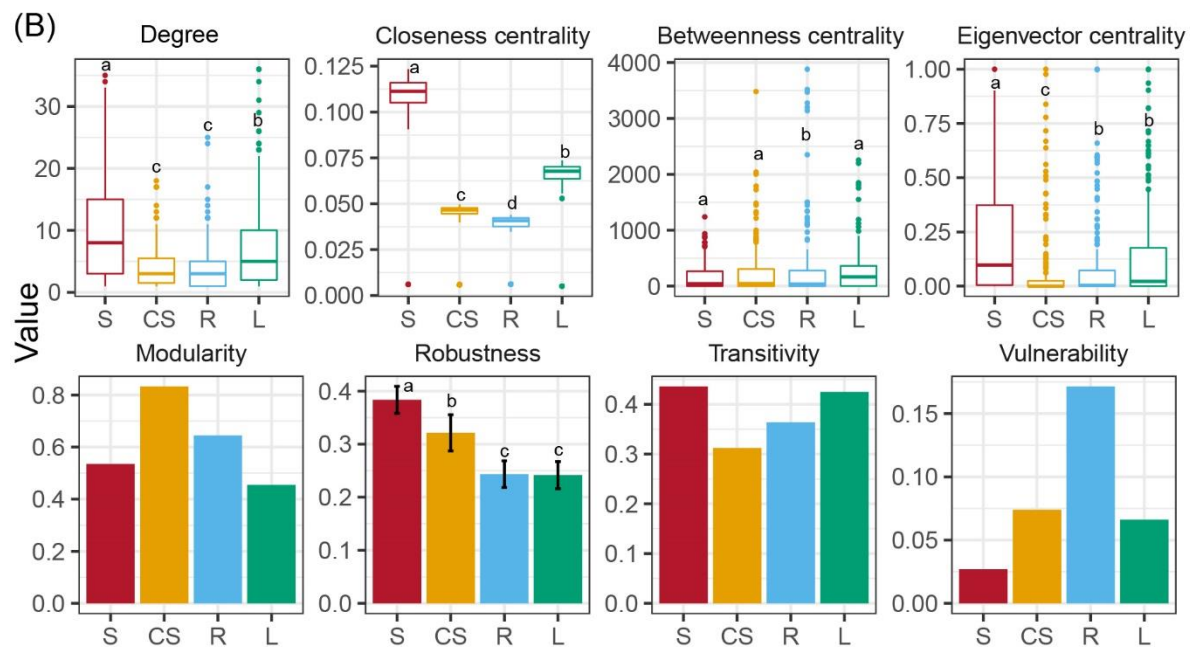
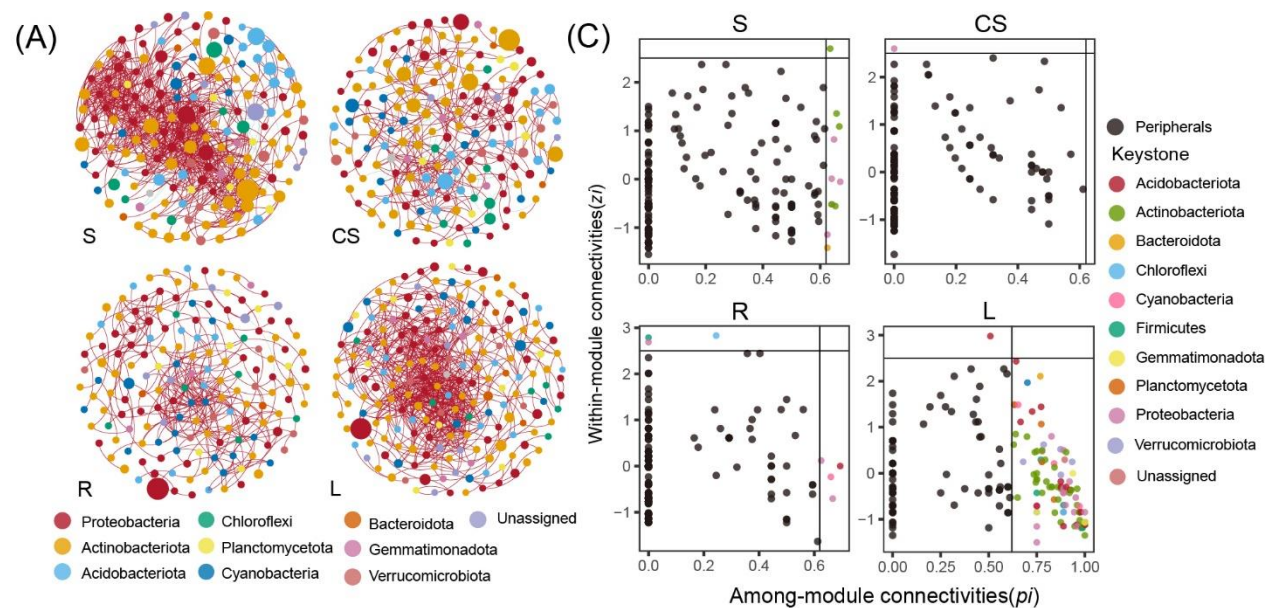
气候因素、取样部位、地理距离总解释量24.9%群落变异

地衣结皮中的细菌群落主要来源于结皮土，最终源自裸土，自下而上宿主选择作用逐级增大

土壤样品中以异质选择主导的确定过程为主
地衣样品中以同质扩散主导的随机过程为主



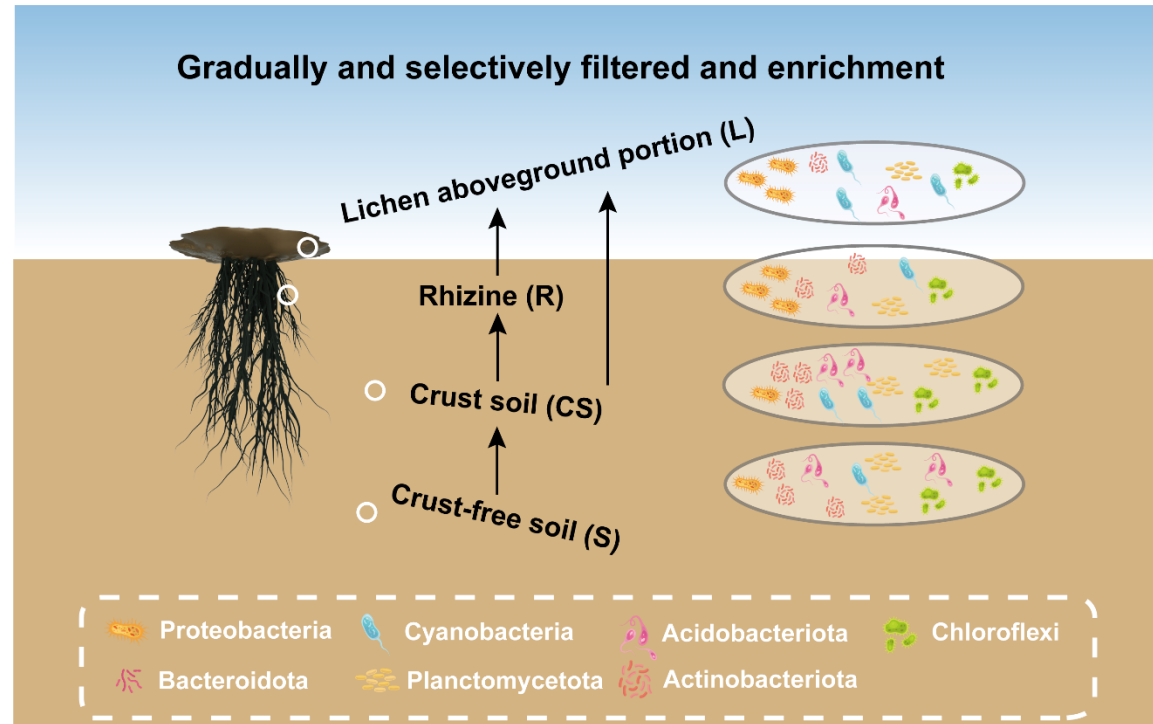
结果3



细菌在四个取样部位间的共存网络结构存在显著差异，S中的共存网络最复杂和稳定；L中有仅次于S中复杂和稳定的网络结构，模块性最低且具最多的模块间连接节点。R中的网络最简单、脆弱。



总结



石果衣结皮细菌群落结构主要受垂直尺度上的取样部位影响，其次是地点，而与地衣物种无关。

石果衣地衣体中的细菌主要来自结皮土，并逐级过滤。

相关结果为理解地衣体生命自我维持的稳态“微型生态系统”提供新见解，为人工构建荒漠地衣结皮用于荒漠生态恢复提供参考。

Zhang, Tingting, Martin Grube, Xinli Wei. 2023. “Host selection tendency of key microbiota in arid desert lichen crusts”. **iMeta** e138. <https://doi.org/10.1002/imt2.138>





“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](#)

