

长期植被演替下土壤活性碳组分驱动微生物群落构建

石经纬^{1,2}, 杨琳^{1,2}, 廖阳^{1,2}, 李继伟³, 焦硕⁴, 上官周平^{1,2,3}, 邓蕾^{1,2,3*}

¹中国科学院水土保持研究所, 黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室

²中国科学院大学

³西北农林科技大学, 水土保持科学与工程学院

⁴西北农林科技大学, 生命科学学院

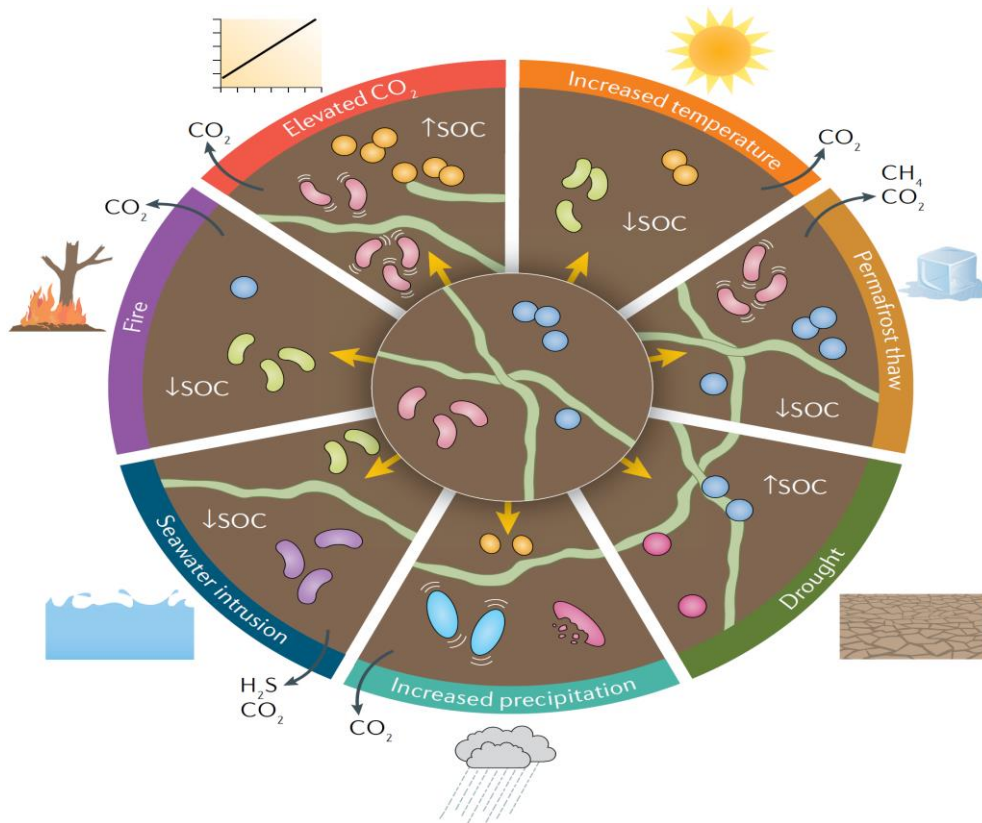


Jingwei Shi, Lin Yang, Yang Liao, Jiwei Li, Shuo Jiao, Zhouping Shangguan, and Lei Deng. 2023. Soil labile organic carbon fractions mediate microbial community assembly processes during long-term vegetation succession in a semiarid region. *iMeta* e142. <https://doi.org/10.1002/imt2.142>



背景

- 生物地球化学循环的**引擎**
- 维系陆地生态系统地上-地下互作的**关键纽带**
- 退化土壤恢复的**变局者**



Jansson et al, 2020, *Nat Rev Microbiol*

Science

Current Issue First release papers Archive About ▾ Sub

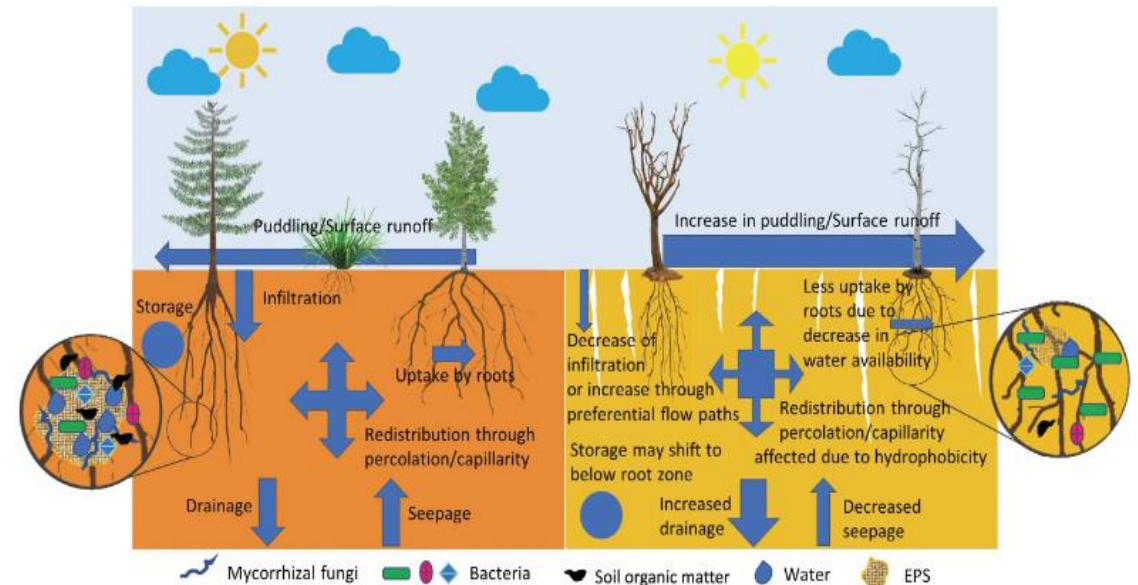
HOME > SCIENCE > VOL. 375, NO. 6584 > SOIL MICROBIOTA AS GAME-CHANGERS IN RESTORATION OF DEGRADED LANDS

REVIEW | RESTORATION ECOLOGY



Soil microbiota as game-changers in restoration of degraded lands

OKSANA COBAN , GERLINDE B. DE DEYN , AND MARTINE VAN DER PLOEG [Authors Info & Affiliations](#)



Coban et al, 2022, *Science*



背景

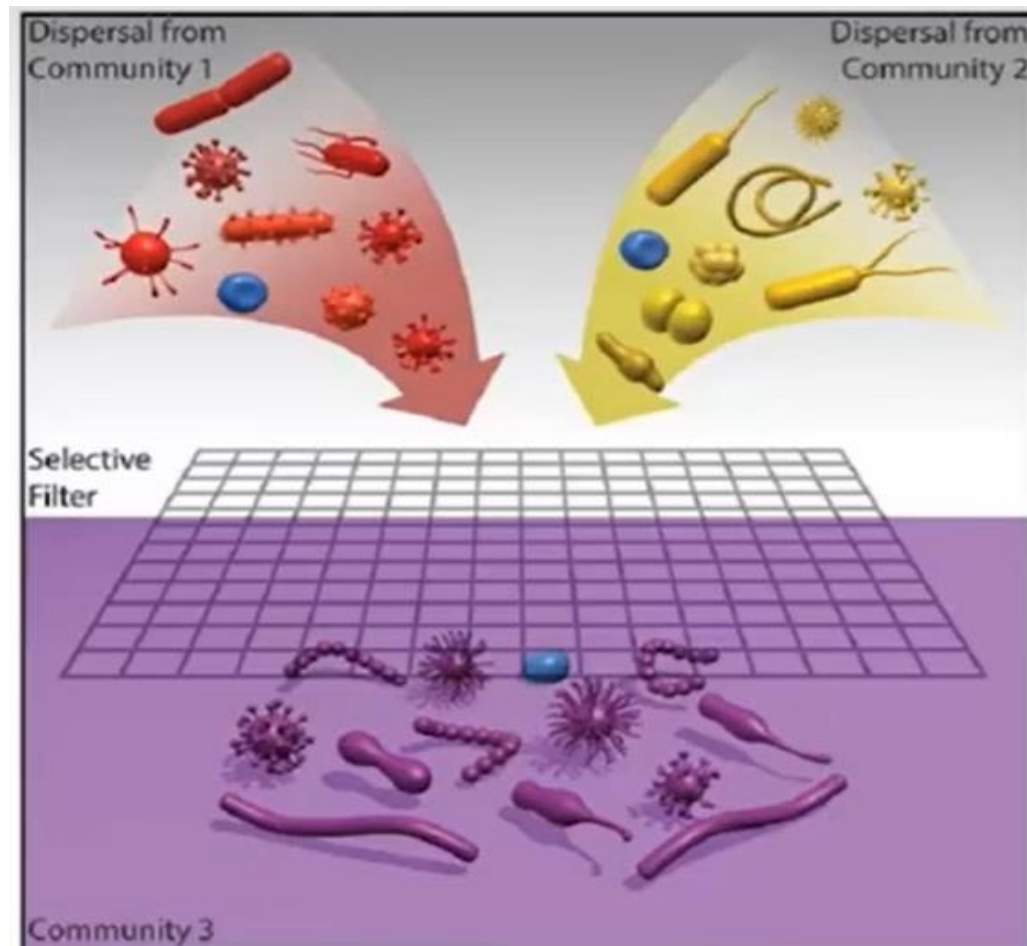


● Determinism

○ Stochasticity

□ 辩证性共存，即你中有我，我中有你

Ning et al, 2020, *Nat commun*



□ **确定性**：环境过滤作用，保留适应微生物，强化某些特定功能

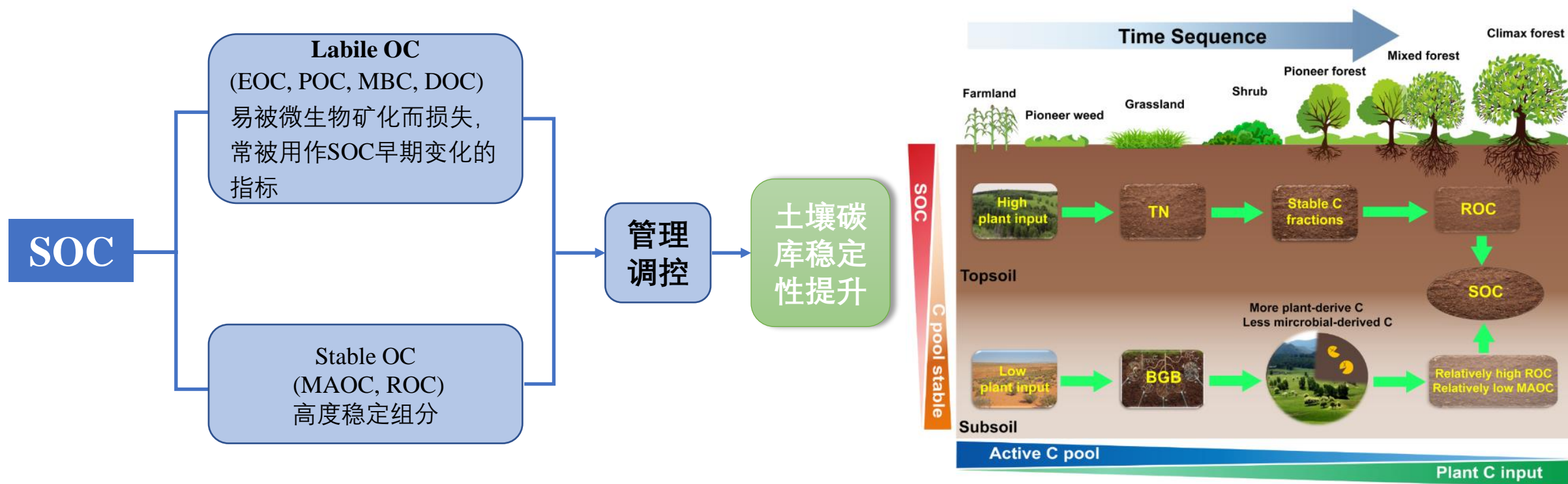
□ **随机性**：物种功能多样性丰富，利于生态系统稳定性的维持

Kramer et al, 2020, *Nat Rev Microbiol*

□ 目前对长期时间尺度上的群落构建过程仍不明确，这限制了我们对于未来气候变化下的碳循环模型的构建



背景



Shi et al, 2023, *Catena*

- ❑ 虽然SOC是土壤质量指标，但土壤碳组分概念化可以更好地解释管理中的微小变化。
- ❑ 为充分理解长期时间尺度上的有机碳库稳定机制，有必要将微生物群落构建过程与有机碳组分联系起来



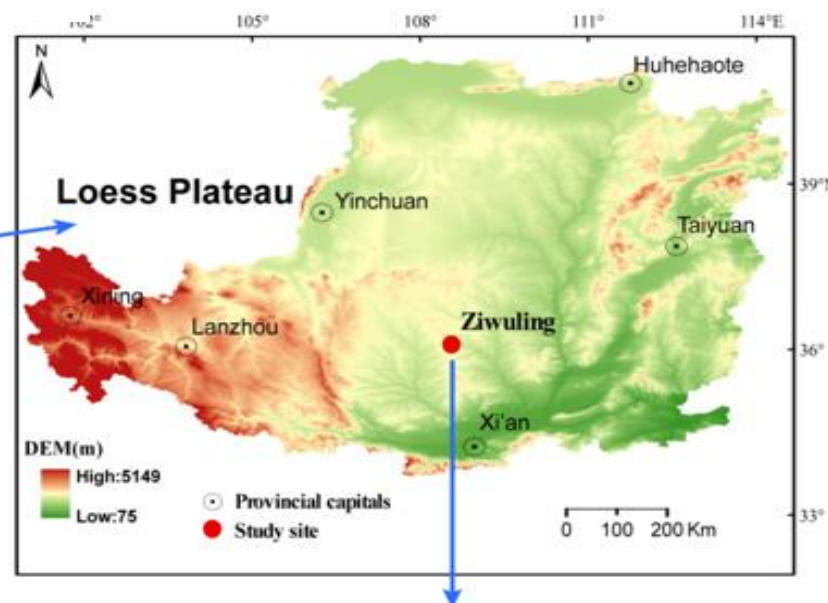
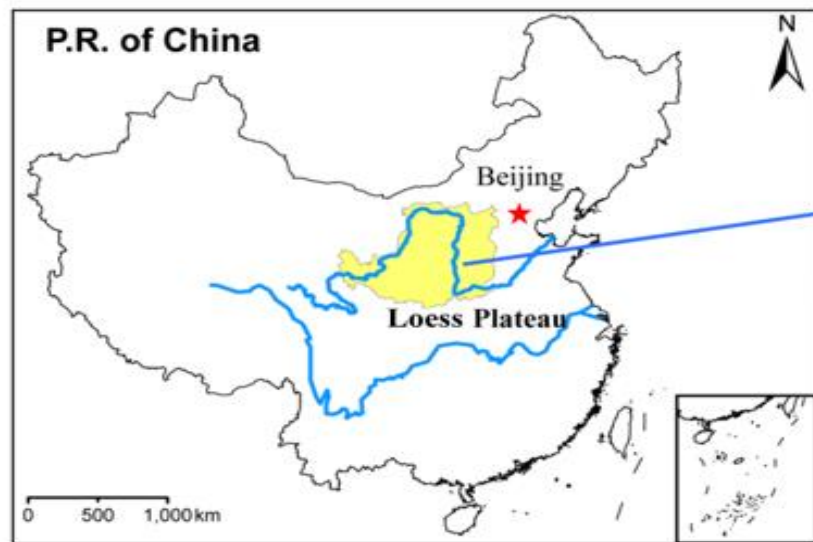
科学问题与假设

- 长期植被演替过程中有机碳组分如何影响微生物群落构建？
- 假设1：由于养分限制，底层土壤确定性过程强于表层
- 假设2：由于活跃有机碳是微生物可利用的能量来源，植被演替后，微生物群落构建可能主要通过活性有机碳组分来控制。



实验设计

黄土高原典型长期演替序列采集土壤样品



收集5个演替阶段表层和底层

土壤样品

$5 \times 2 \times 4 = 40$ 样品



16S ITS 扩增子测序

土壤细菌和真菌多样性



Pioneer weeds



Grasslands



Shrubs



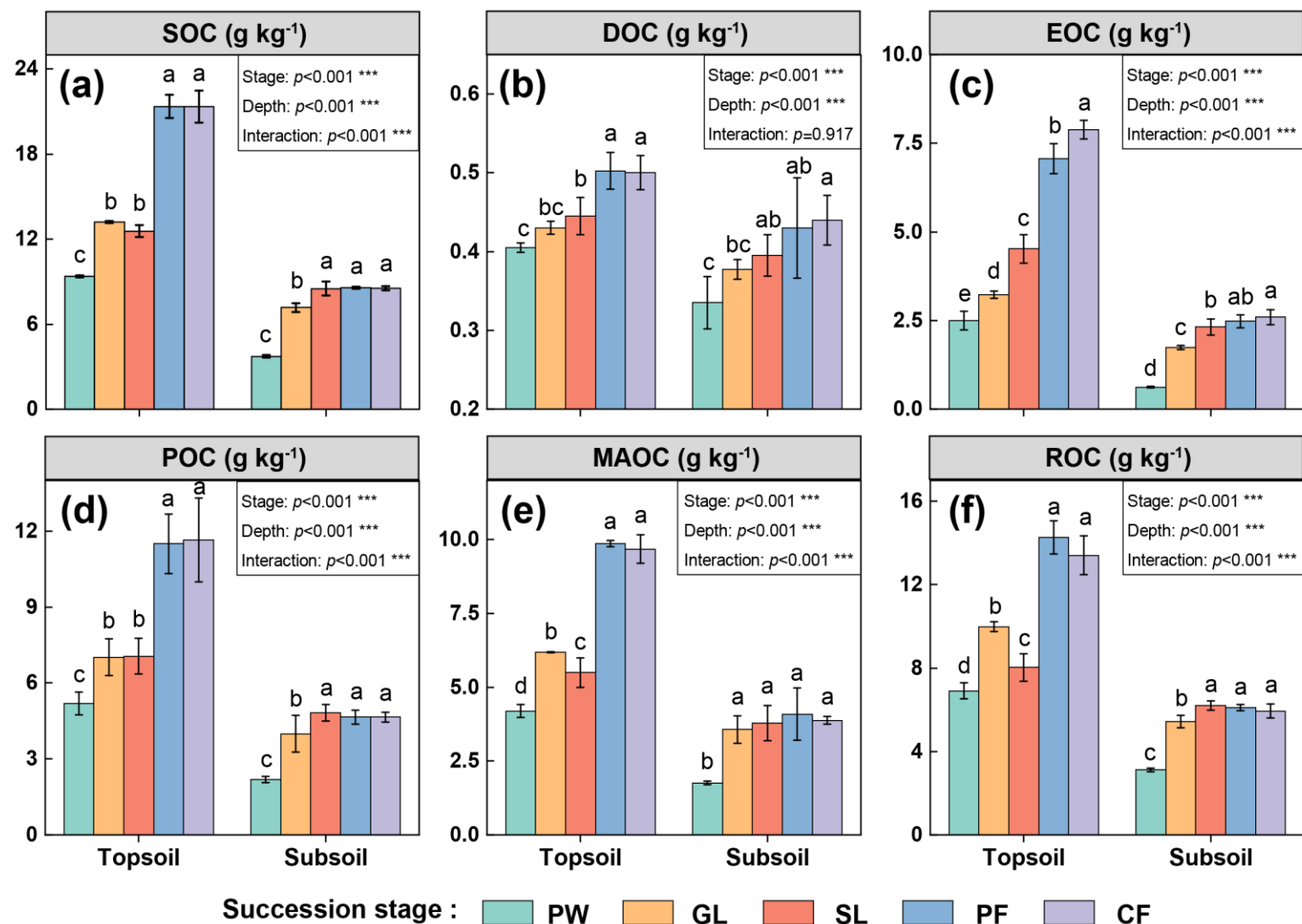
Pioneer Forests



climax forest



长期植被演替过程中土壤有机碳及其组分动态

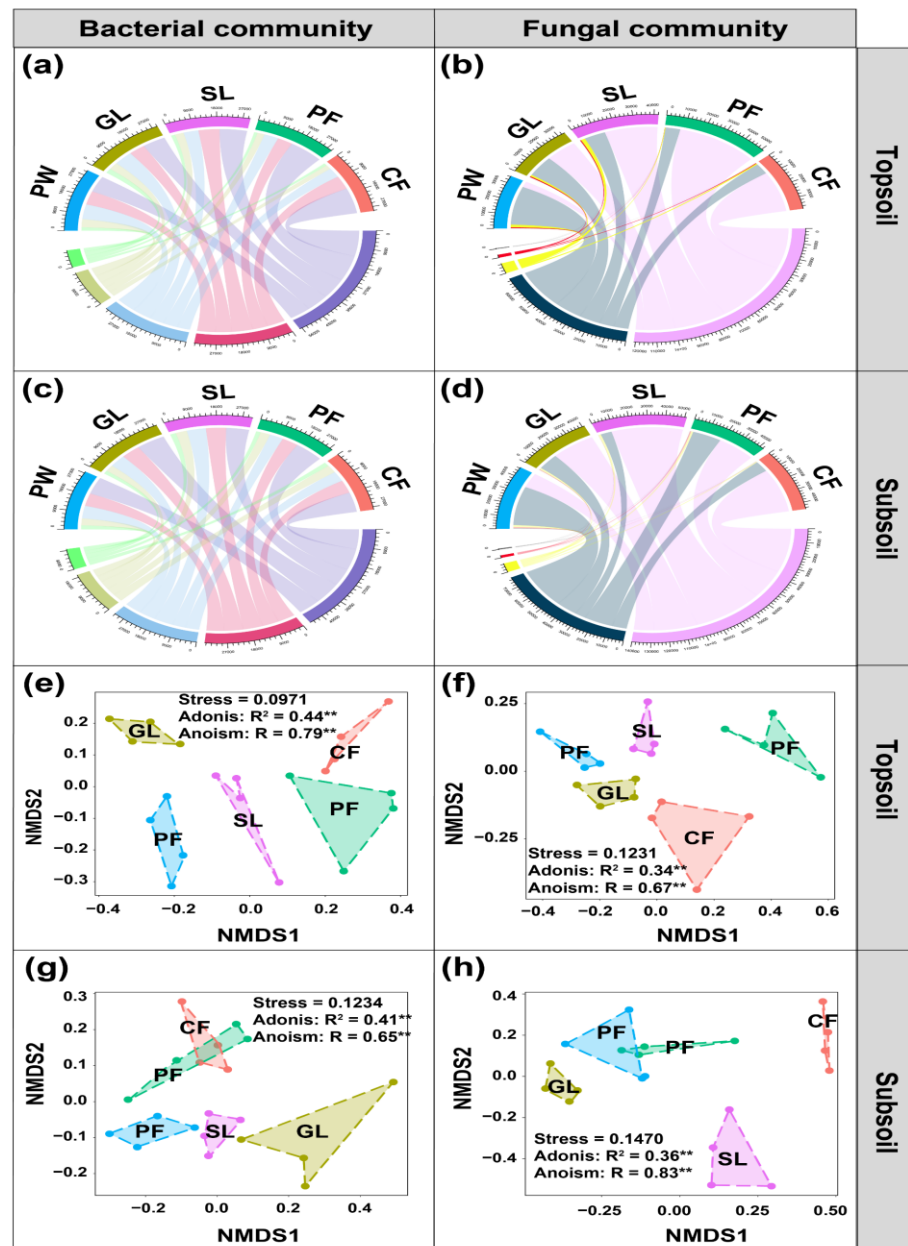


长期植被演替显著增加了0-40 cm土壤有机碳组分的积累，且各演替阶段表层土壤碳含量均显著高于底土

植被演替至后期时，碳含量逐渐趋于稳定；演替年限及土壤深度显著影响SOC组分



土壤微生物群落及构建过程



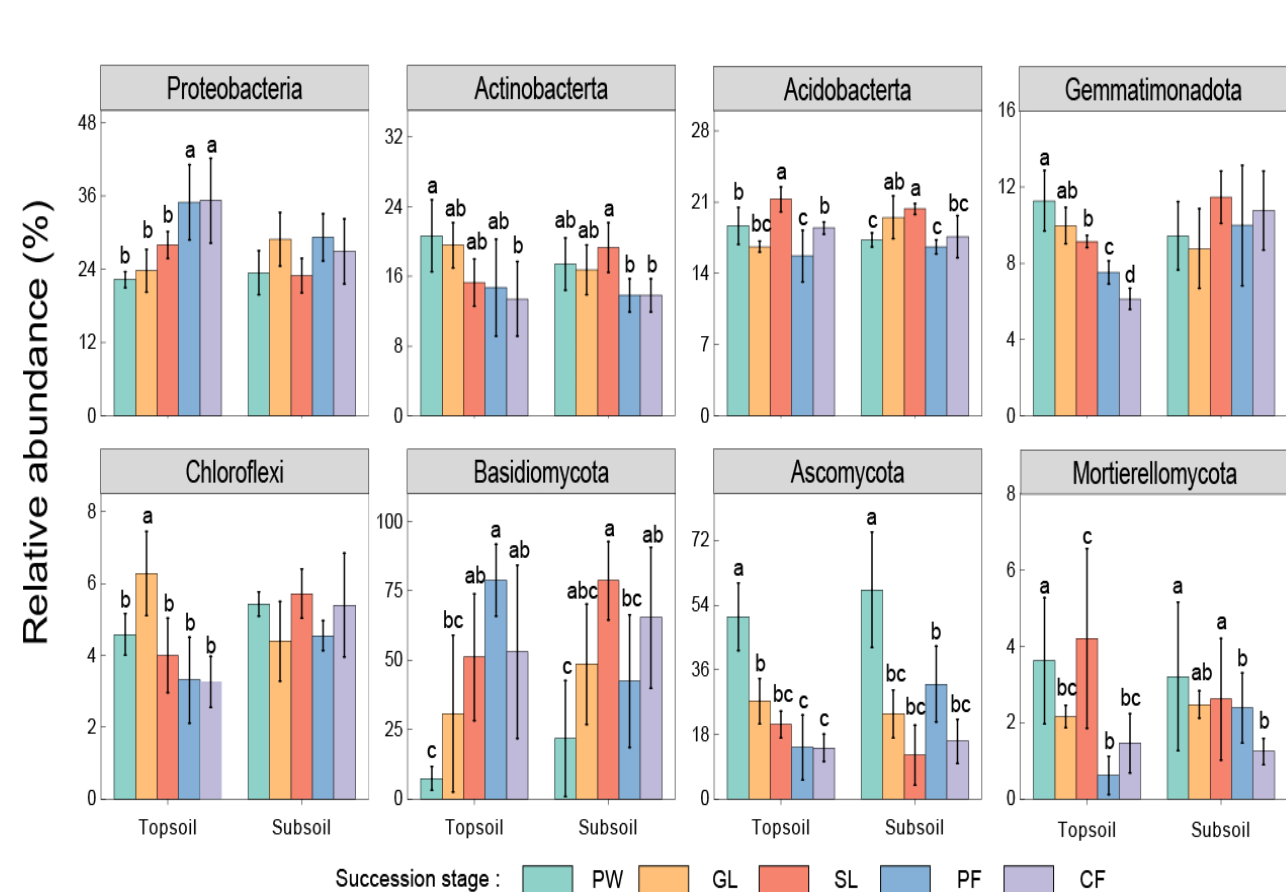
细菌群落主要由变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门和绿弯菌门组成

真菌群落以担子菌门、子囊菌门、Mortierellomycota、Glomeromycota和Kickxellomycota为主

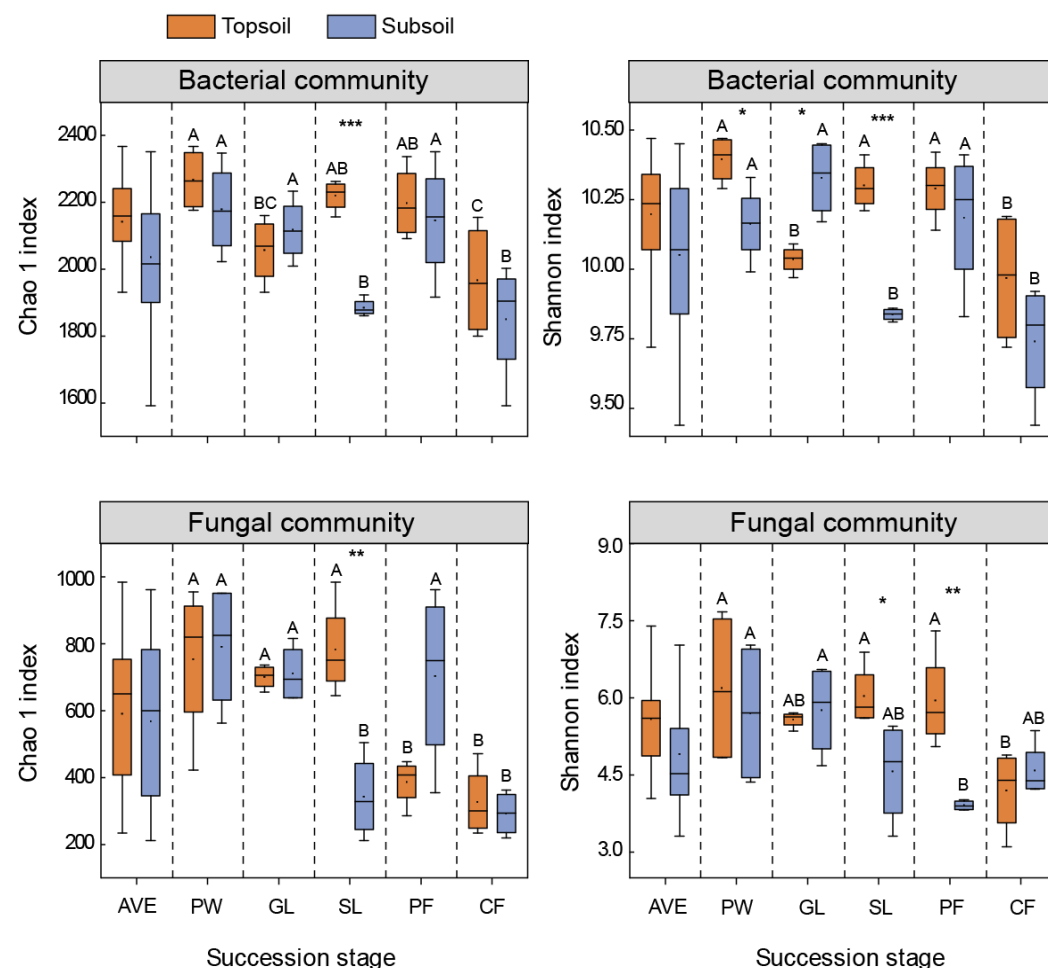
NMDS分析结果表明各演替阶段的不同，细菌和真菌群落的组成变化较大



土壤微生物群落及构建过程



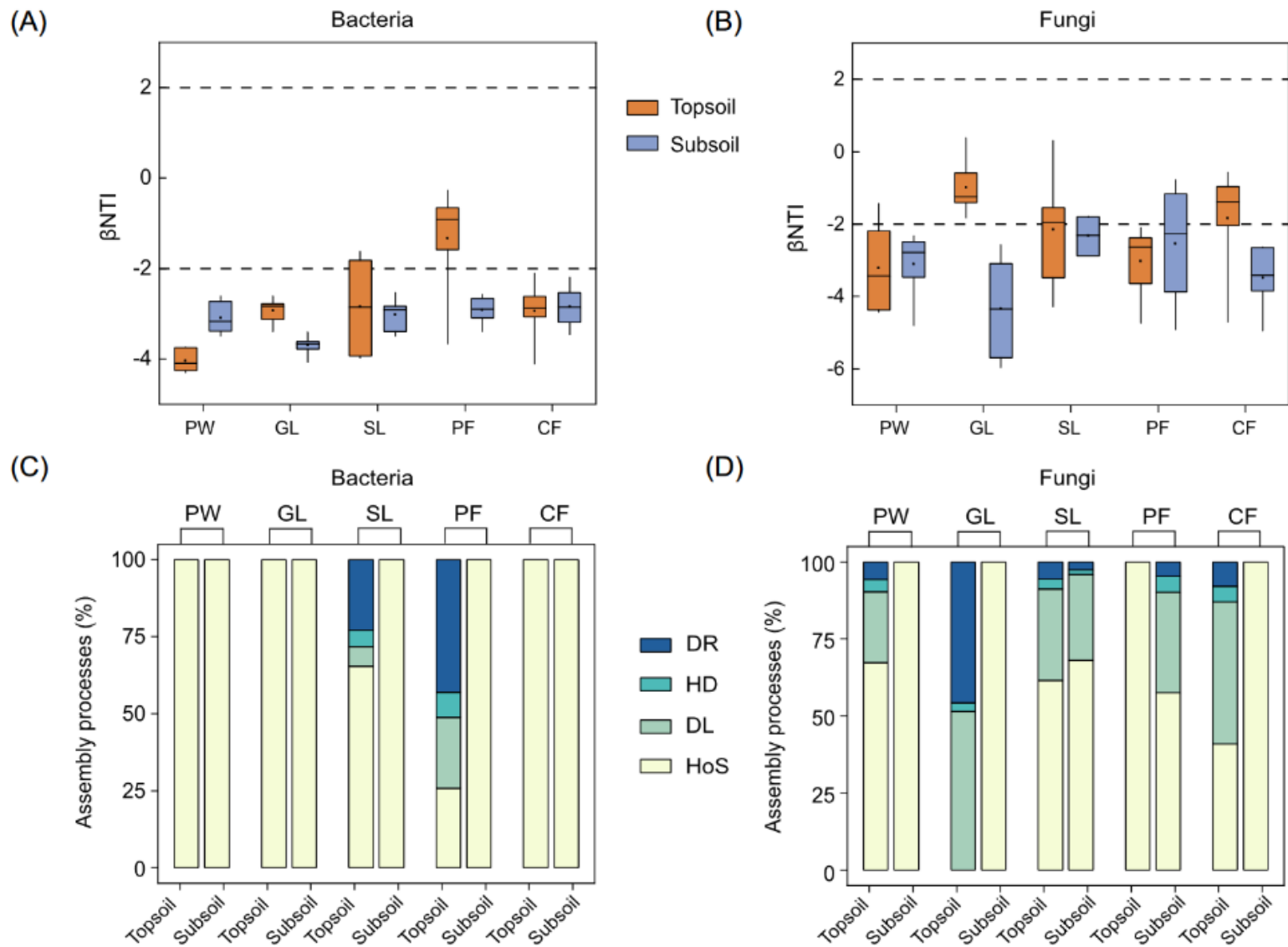
❑ Proteobacteria, Gemmatimonadota, 和 Chloroflexi 的相对丰度不受长期植被演替的显著影响



❑ 长期演替降低了细菌和真菌群落的 α 多样性，表土微生物群落的Chao 1和Shannon指数均高于底土



土壤微生物群落及构建过程

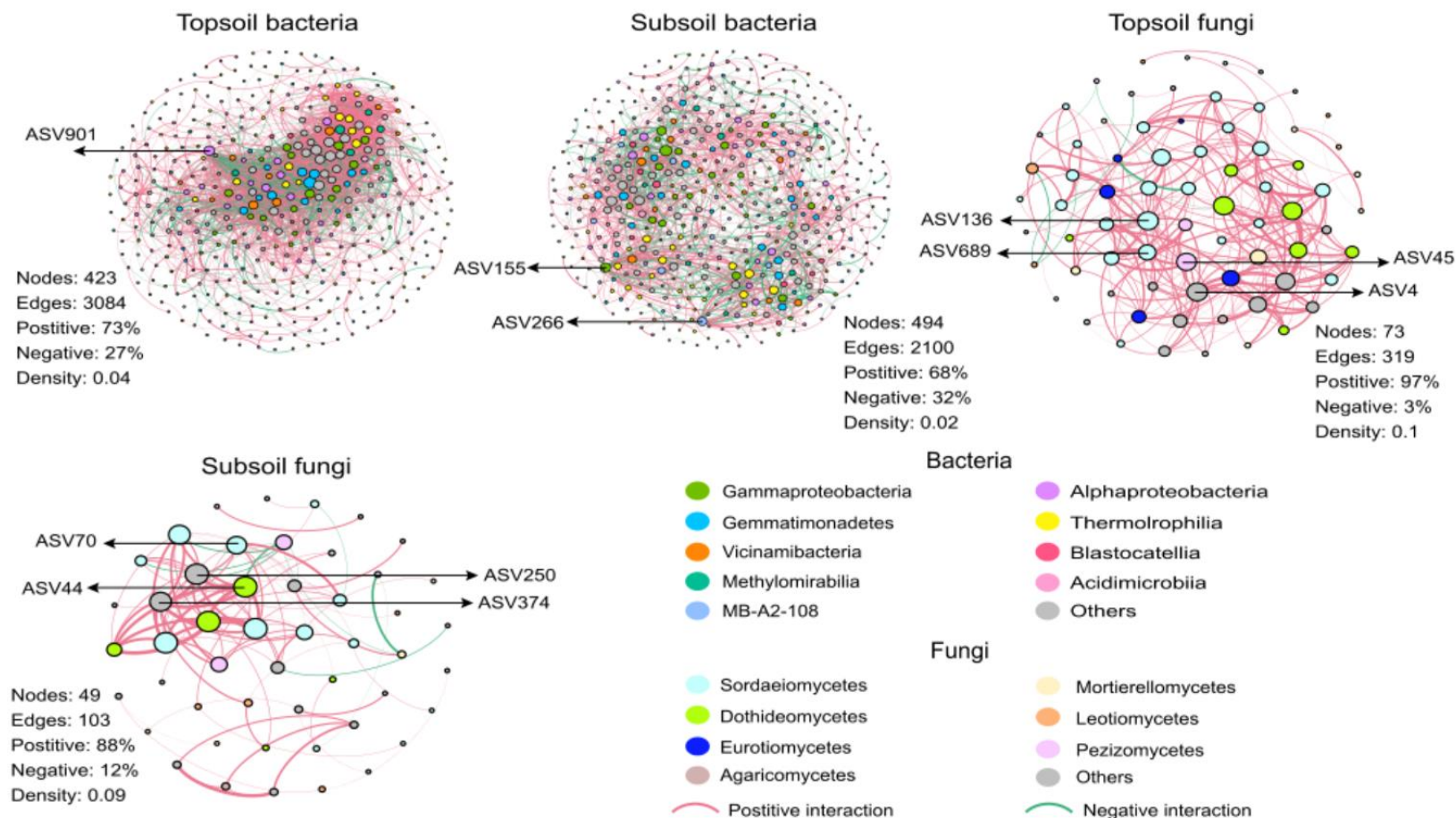


□ 同质选择主导了细菌和真菌群落的构建；表土微生物群落的确定性过程弱于底土

□ 微生物群落在演替后期时其确定性过程弱于早期阶段。漂移和扩散限制是细菌和真菌群落随机过程的主要生态过程



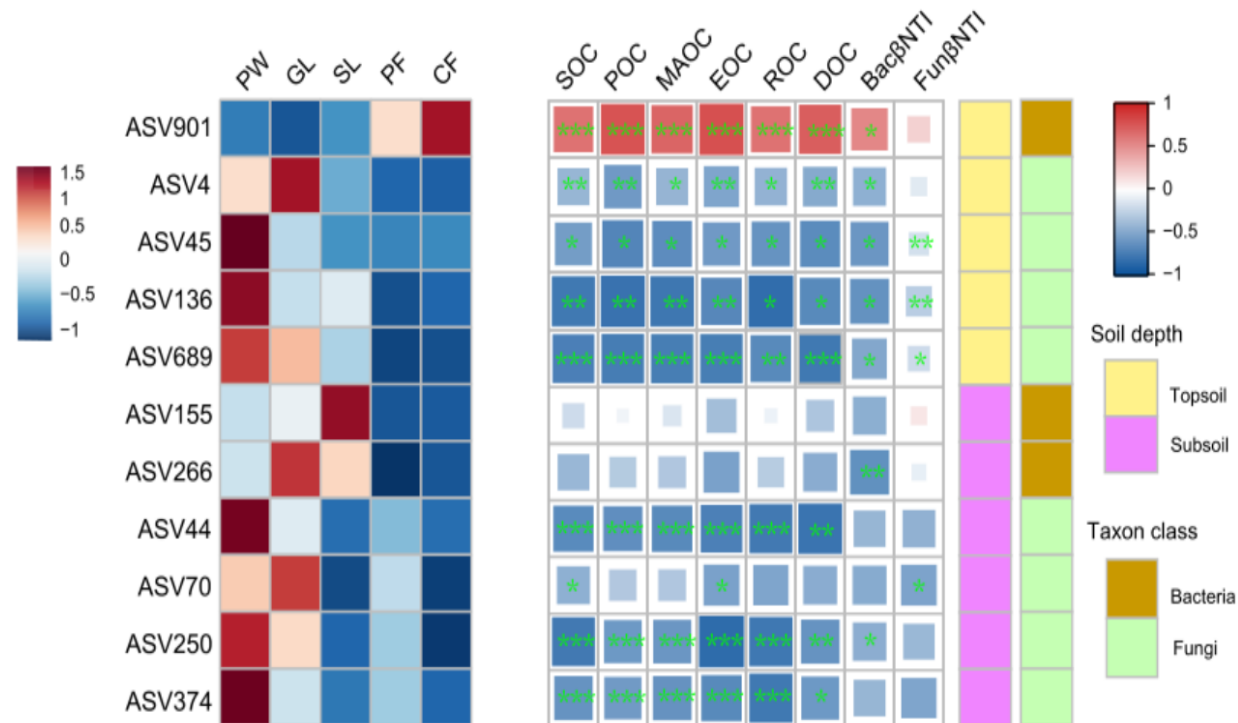
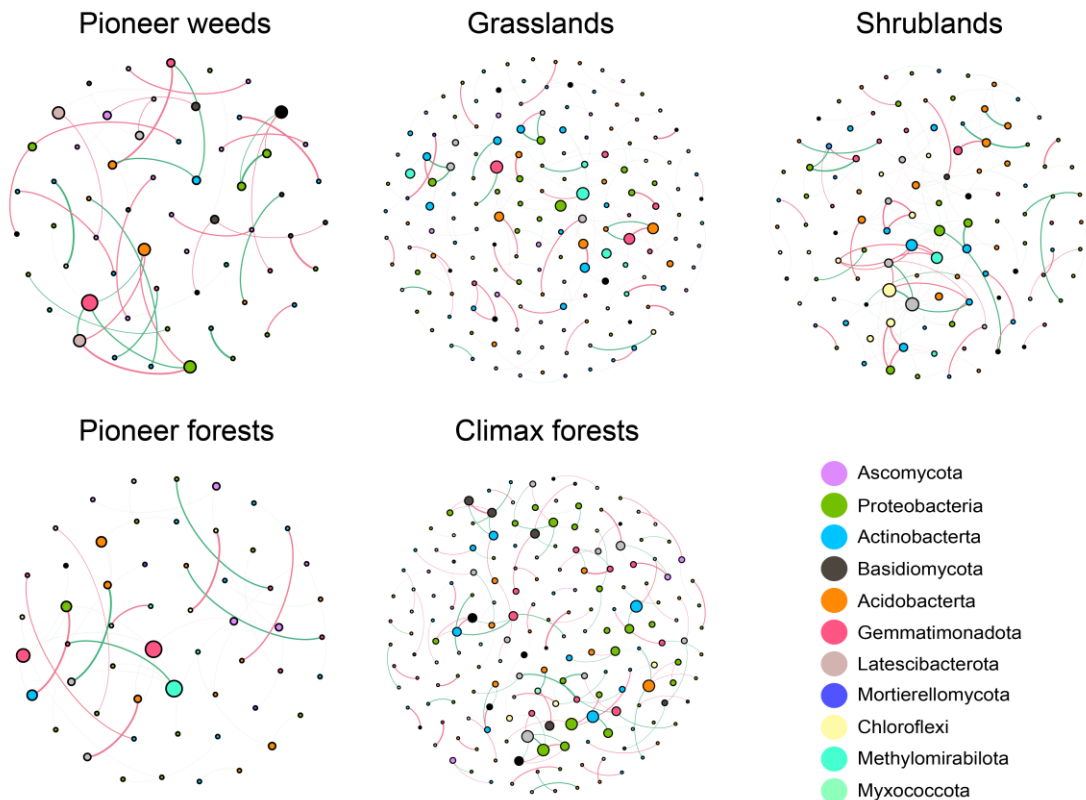
微生物共发生网络分析



- 表土的共生网络较底土更为复杂
- *Donggia* 是表土细菌网络中的 keystone, *MND1* 和 *MB-A2-108* 是底土细菌网络中的 keystone
- *Ascomycota*, *Pezizaceae* *Fusarium* 和 *Sordarioclomycetes* 属于表层真菌 keystone; *Alternaria* *Fusarium*, *Filobasidium* 和 *Chaetothyriales* 属于底层真菌 keystone



微生物共发生网络分析

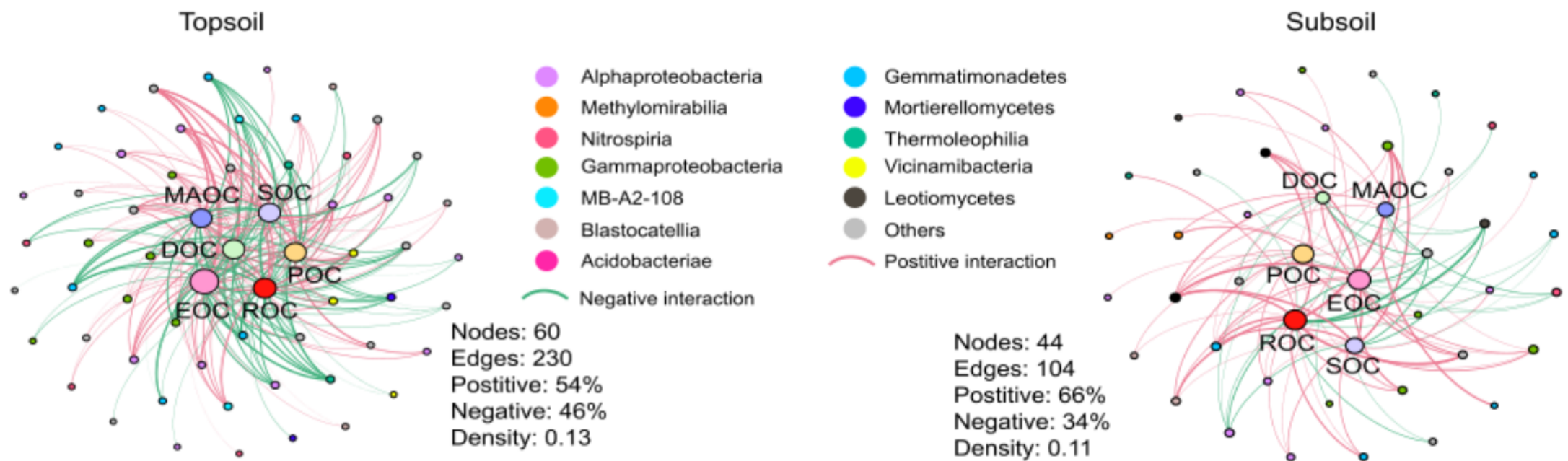


□ 长期演替增加了微生物网络复杂性

□ 长期演替过程中，大部分关键分类群的相对丰度呈下降趋势，且与SOC组分和微生物构建过程呈负相关关系



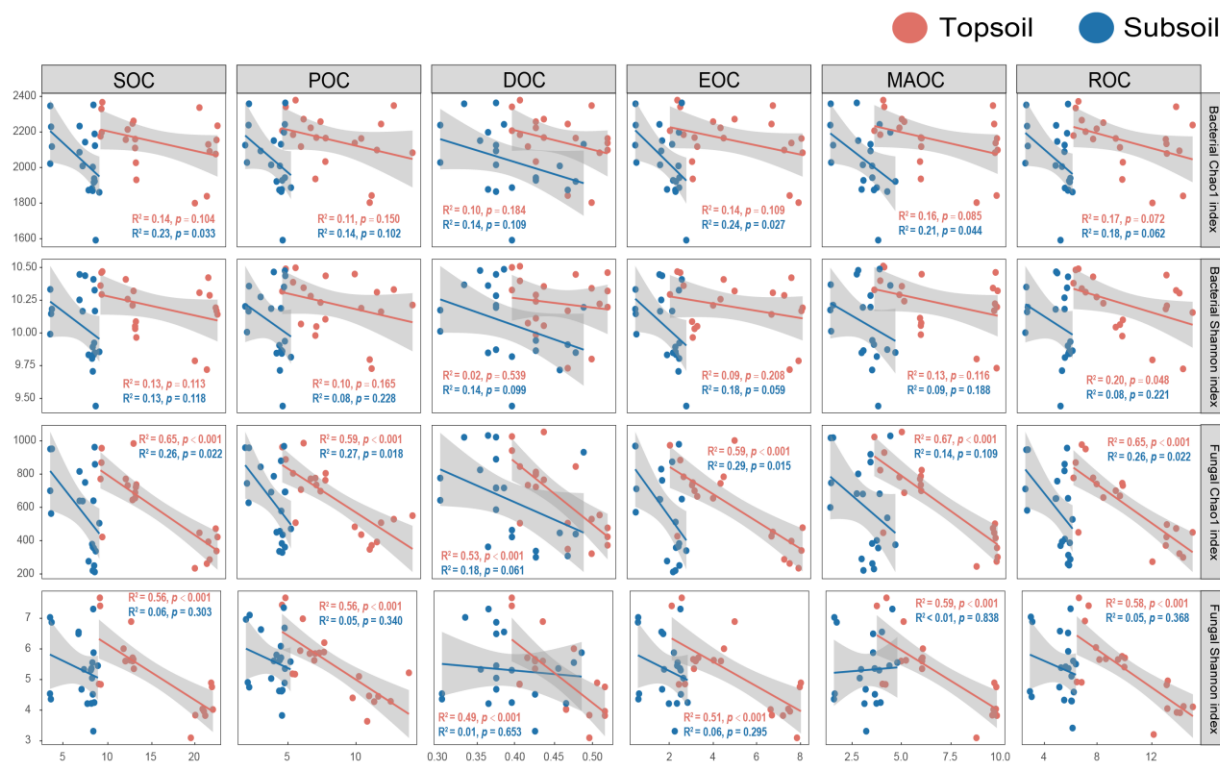
土壤有机碳组分与微生物群落的联系



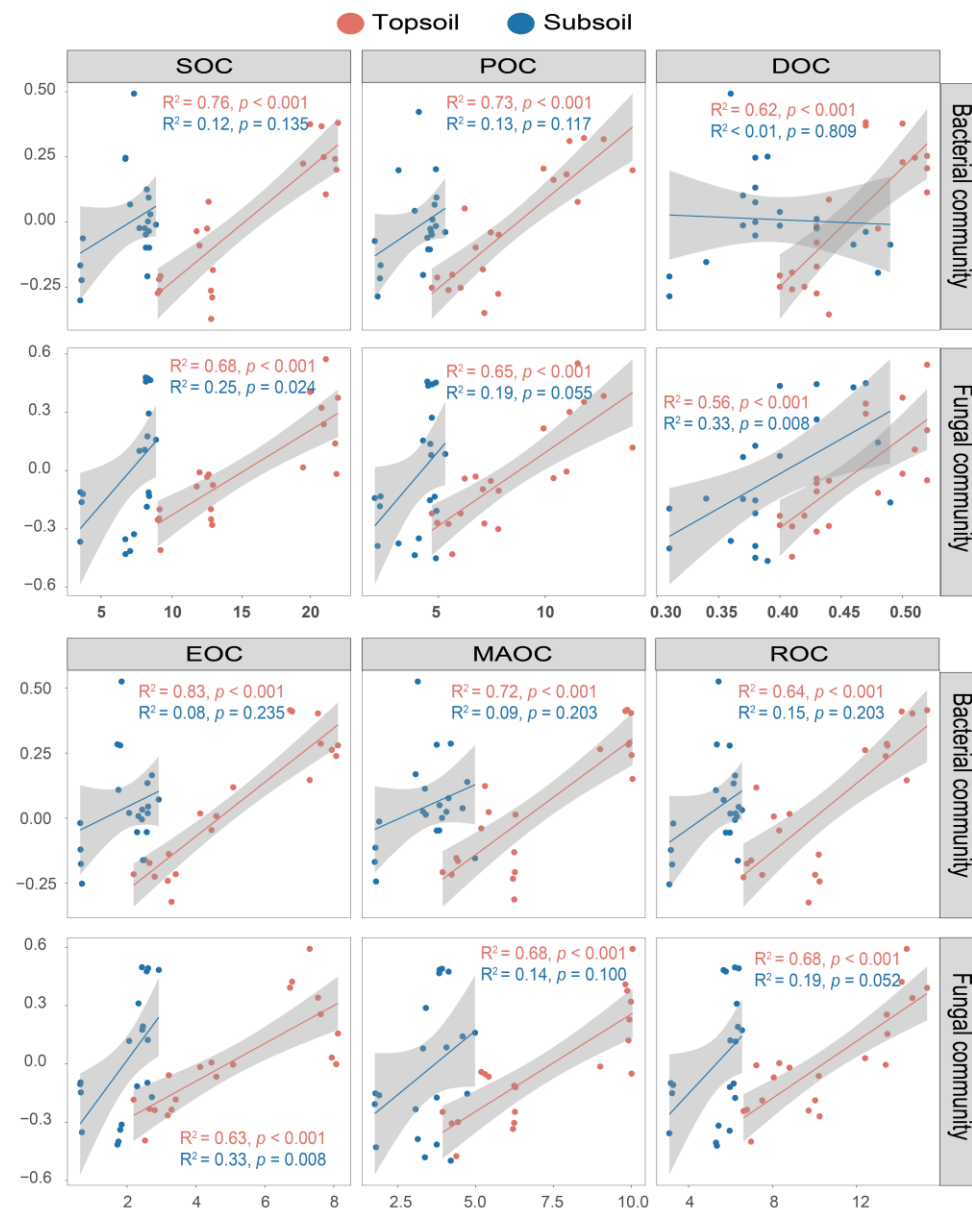
- EOC (连接数: 42) 是与表层土壤微生物类群最密切的碳组分。 EOC、POC和ROC (连接数分别为20、20和21) 是与底土微生物类群密切相关的碳组分。



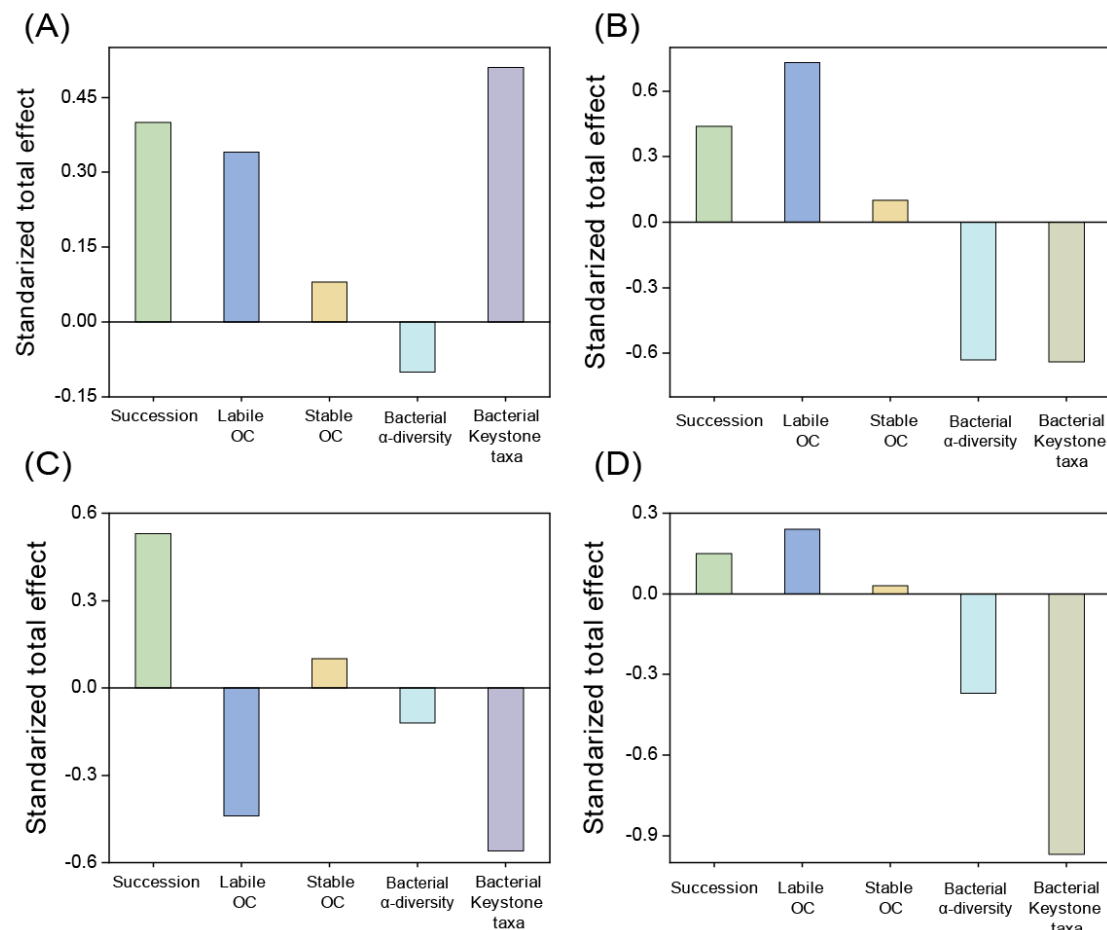
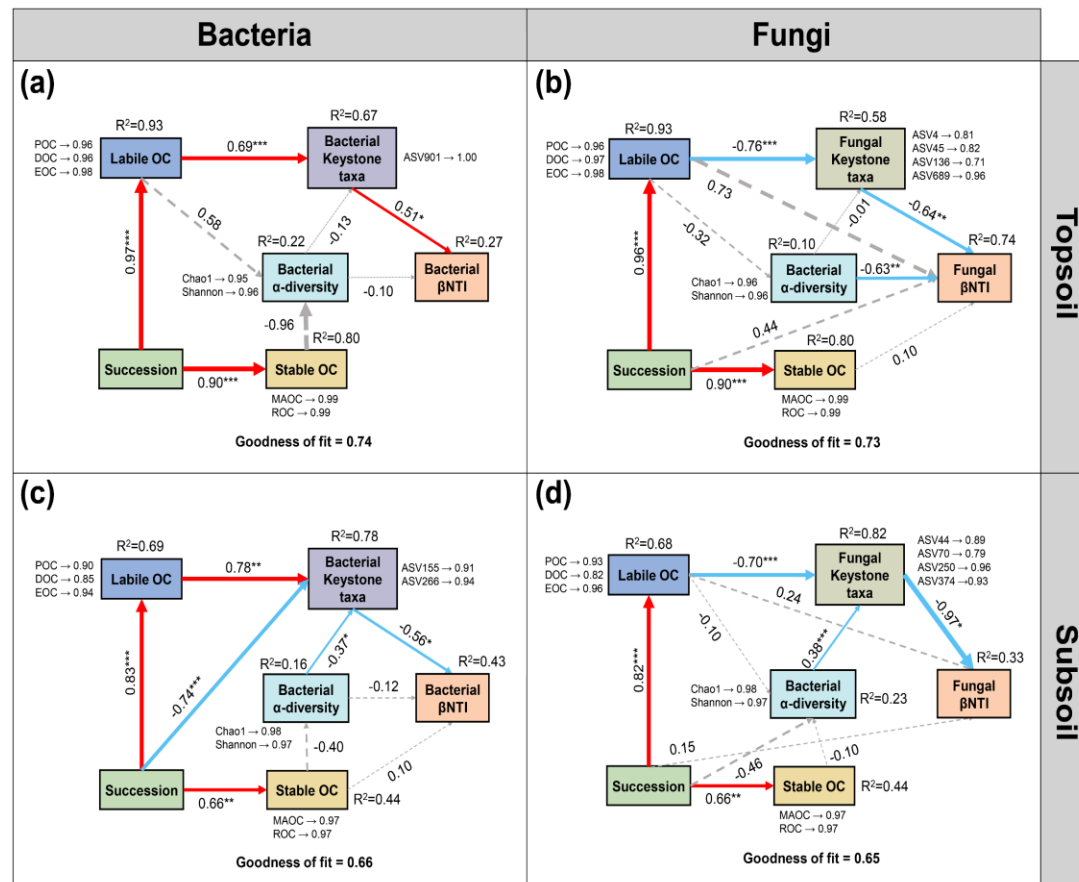
土壤有机碳组分与微生物群落的联系



□ 相对于SOC和稳定碳组分，活性碳组分更能有效地解释微生物群落的变化



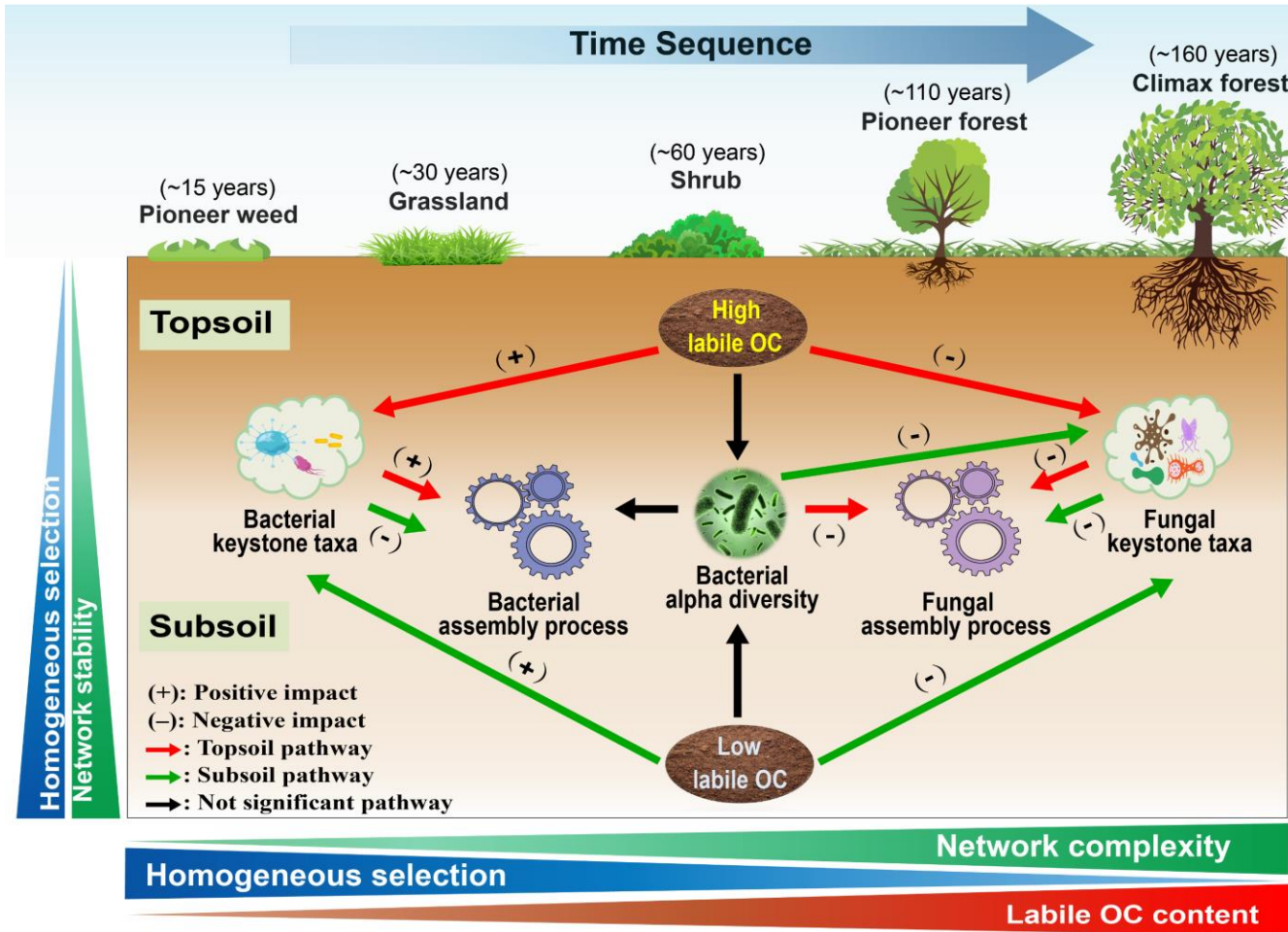
土壤有机碳组分与微生物群落的联系



- 活性碳组分是微生物群落构建的主要驱动因素，通过影响微生物特性来调节这种效应；
- 关键分类群微生物对表层和底层微生物群落构建的影响很大；
- 细菌α多样性影响真菌群落构建；



结论



- 长期植被演替下微生物群落构建以同质选择过程为主; 细菌和真菌群落的确定性过程随着土壤深度的增加而增加
- 长期演替增加了微生物网络的复杂性和稳定性
- 土壤细菌可能驱动真菌群落构建
- 活性碳组分通过影响细菌 α 多样性和关键类群来驱动微生物群落构建

Jingwei Shi, Lin Yang, Yang Liao, Jiwei Li, Shuo Jiao, Zhouping Shangguan, and Lei Deng. 2023. Soil labile organic carbon fractions mediate microbial community assembly processes during long-term vegetation succession in a semiarid region. *iMeta* e142. <https://doi.org/10.1002/imt2.142>





“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](#)

