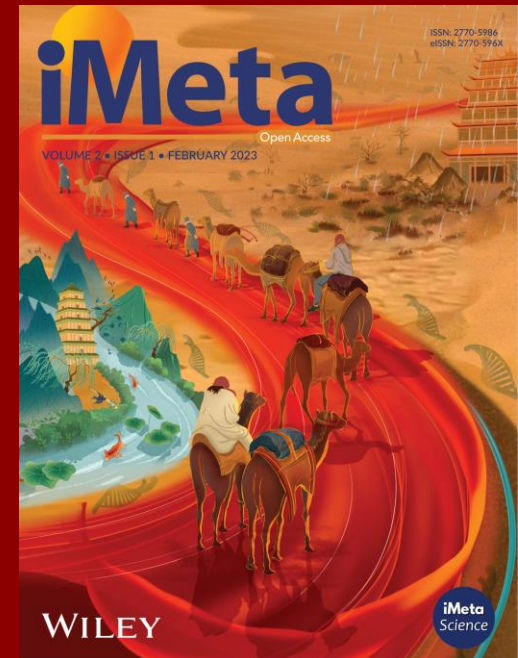


丛枝菌根真菌桥接了根相关微生物群 对侵蚀坡面多功能性的支持

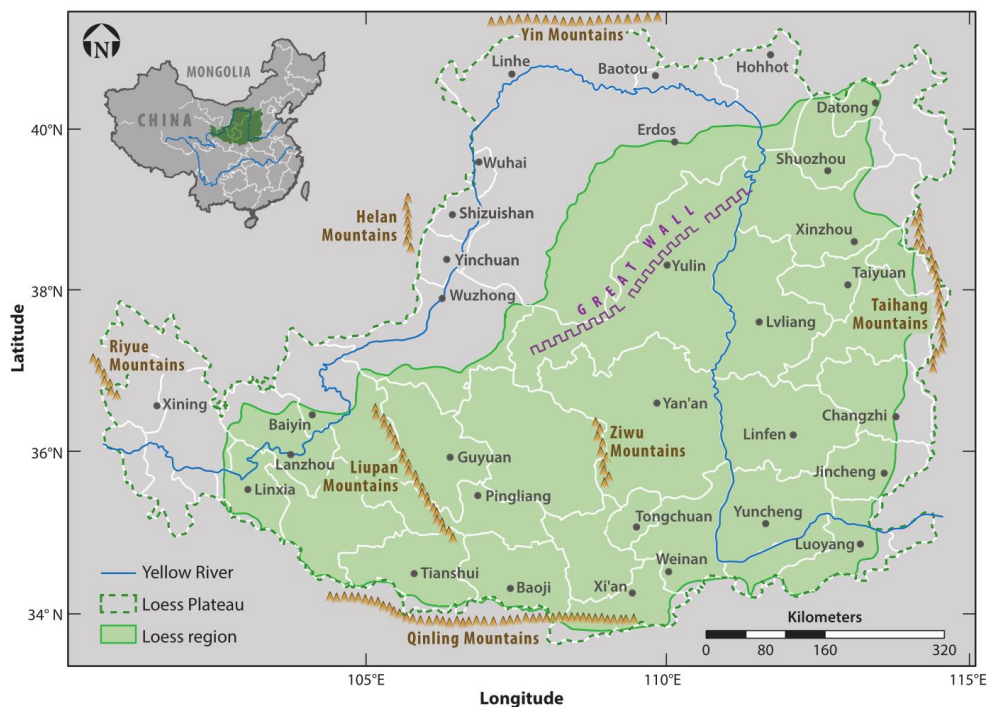
邱天逸^{1,2}, Josep Peñuelas³, 陈应龙¹, Jordi Sardans³, 喻佳洛⁴, 徐知远¹,
崔庆亮⁵, 刘济⁶, 崔勇兴⁷, 赵淑玲⁵, 陈静⁸, 王云强⁹, 方临川^{1,2,9}

¹西北农林科技大学, ²武汉理工大学,
³巴塞罗那自治大学, ⁴中国科学院地理资源与科学研究所,
⁵中国科学院水利部水土保持研究所, ⁶华中师范大学,
⁷柏林自由大学, ⁸武汉大学,
⁹中国科学院第四纪科学与全球变化卓越创新中心



Tianyi Qiu, Josep Peñuelas, Yinglong Chen, Jordi Sardans, Jialuo Yu, Zhiyuan Xu, Qingliang Cui, Ji Liu, Yongxing Cui, Shuling Zhao, Jing Chen, Yunqiang Wang, Linchuan Fang. 2024. Arbuscular mycorrhizal fungal interactions bridge the support of root-associated microbiota for slope multifunctionality in an erosion-prone ecosystem. *iMeta* 3: e187. <https://doi.org/10.1002/imt2.187>

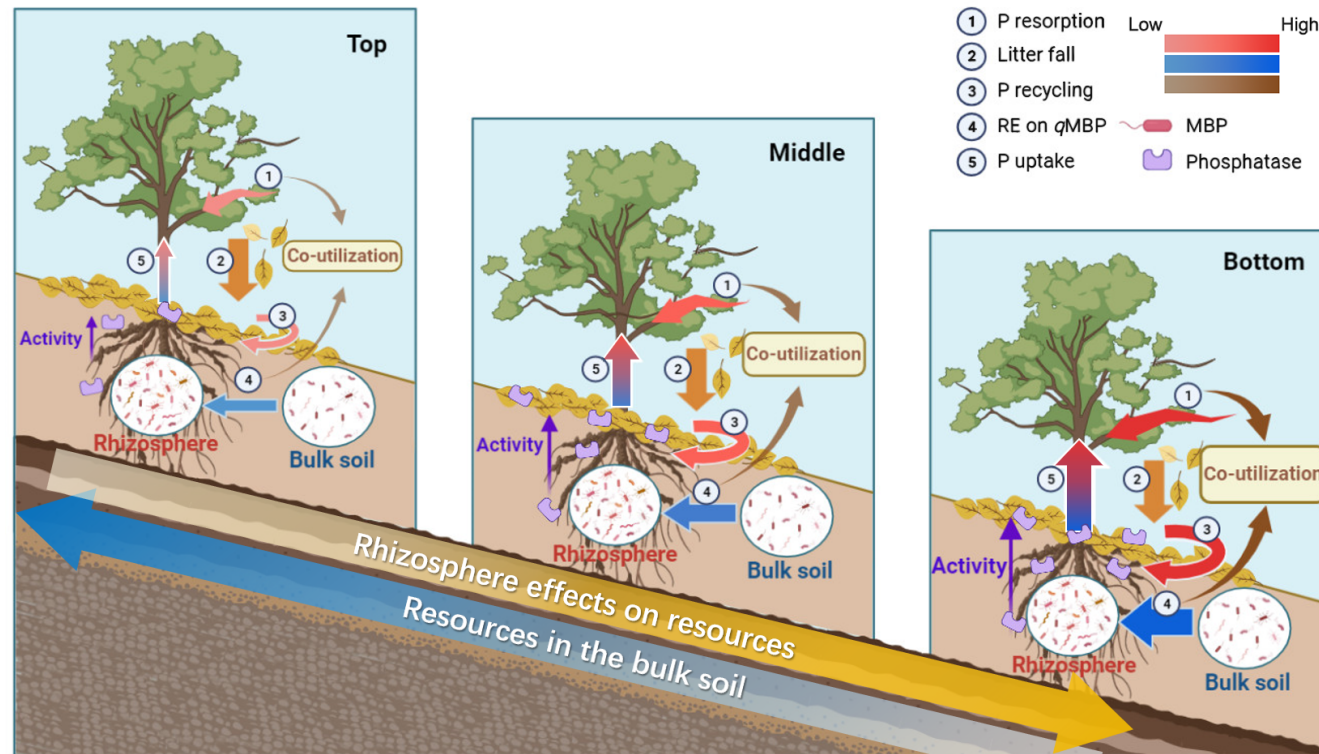
研究背景



Fu et al., 2017, *Annu. Rev. Earth Planet. Sci.*

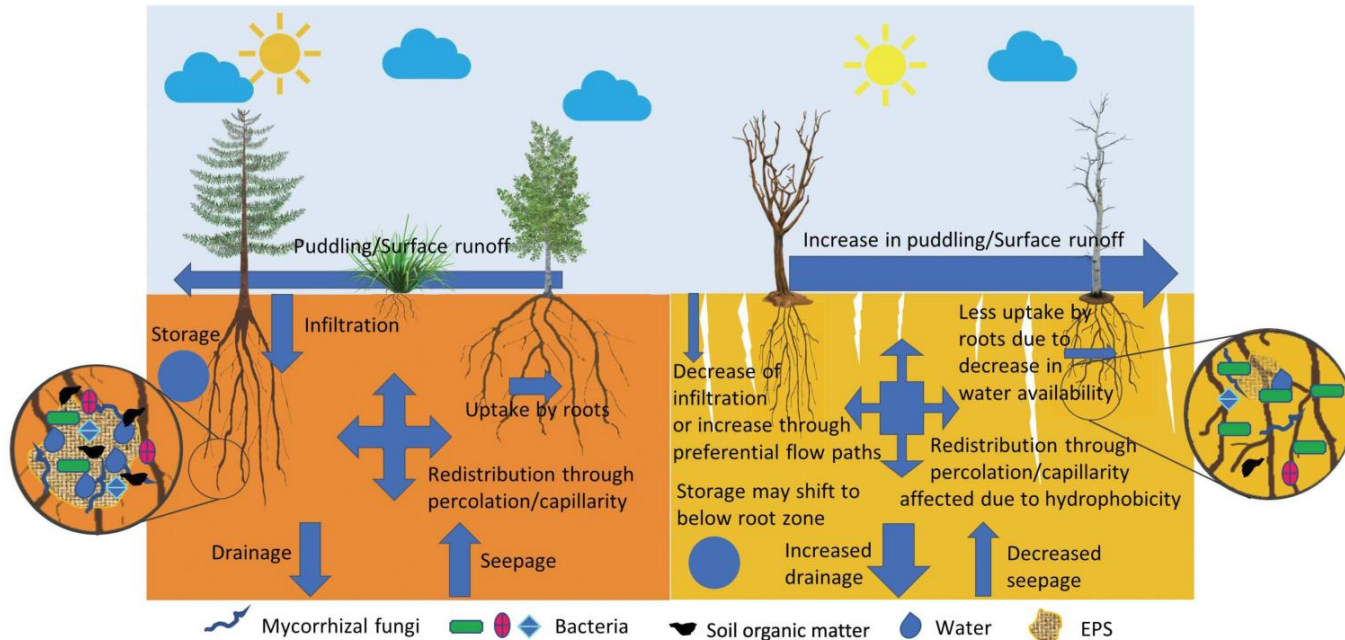
侵蚀坡面是黄土高原最基本的景观单元。通过植被的分化和土壤资源的再分配，坡位可对生物磷利用乃至生物多样性-生态系统功能关系产生强烈影响。

黄土高原是一个传统的侵蚀退化地区，因其水土流失和养分固定化的特点，土壤磷有效性普遍很低。

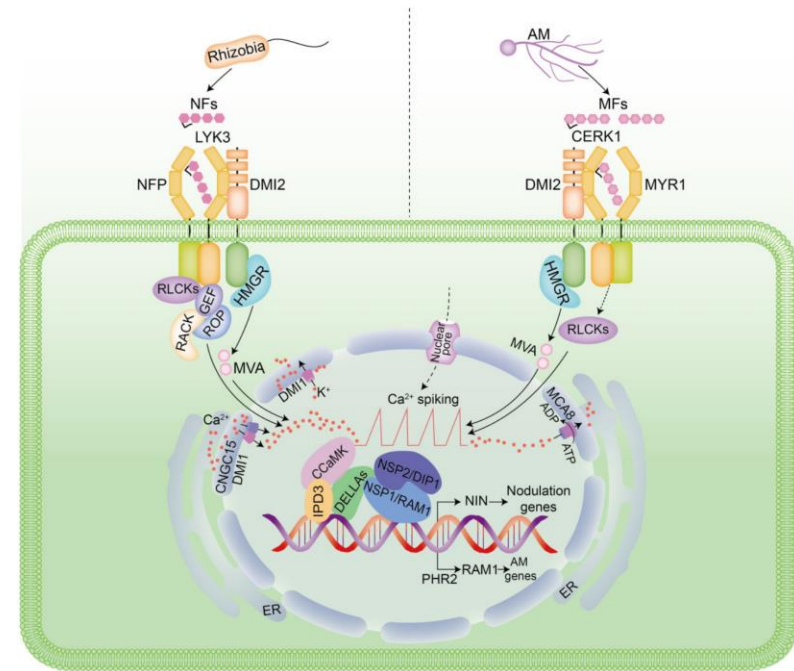


Qiu et al., 2023, *Catena*

研究背景



Coban et al., 2022, *Science*



Wang et al., 2022, *Plant Cell*

- 土壤微生物通过调节养分循环、分解有机质、塑造土壤结构和支持植物生产力等多种重要功能来促进退化生态系统恢复，尤其是植物根相关微生物群。
- 根瘤菌与丛枝菌根（AM）真菌共享一个信号通路，且彼此促进对方在根际的定殖，这意味着两者的共进化，可能对以豆科树种（如刺槐）为恢复类型的磷限制生态系统具有关键作用。



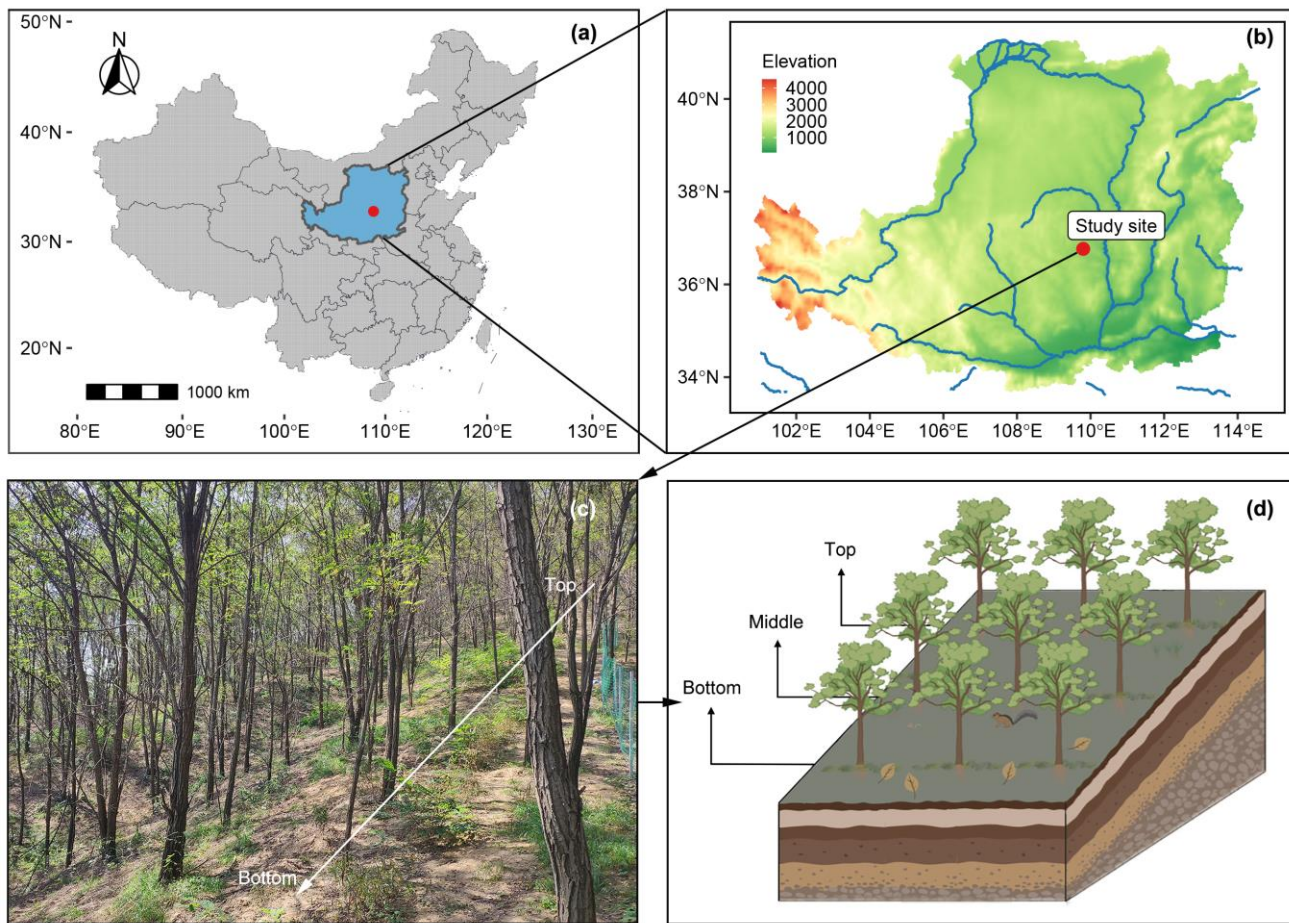
研究背景

然而，关于微生物多样性和功能沿坡面变化的现有知识是分离的，重点**仅限于**单一微生物界或生态系统功能；生态网络是理解复杂生物相互作用的有用工具，可以厘清关键微生物类群在群落构建和生态系统功能中的作用。在侵蚀景观中，网络集群的主要关键分类群已被确定为支持多功能性和减缓侵蚀影响的引擎，但对于在自然恢复过程中保持多功能性同样重要的微生物网络复杂性以及真菌/细菌界内和界间的相互作用**尚不清楚**。

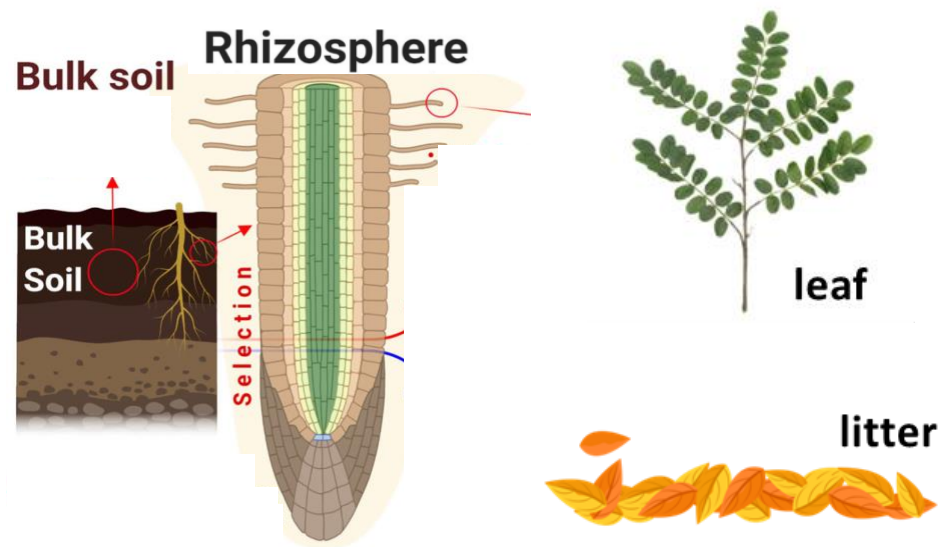
研究假设：

- ① 多功能性的所有组成部分将由根相关微生物群多样性驱动并依赖于后者，其中AM真菌因其减轻刺槐磷限制的优势脱颖而出；
- ② 由于AM真菌在生态位划分中的重要性，纳入AM真菌相互作用的跨界网络将比单界网络更加紧密地联系在一起；
- ③ 无论资源沿坡面分布如何，AM真菌相互作用将始终支持多功能性，特别是其与根瘤菌的互利共生，通过协同供应氮和磷使刺槐受益。

研究方法



- 刺槐 (*Robinia pseudoacacia*)
- 60 m × 30 m, 每20 m划定一个坡位
- 6个重复, 18个地块 (10 m × 10 m)

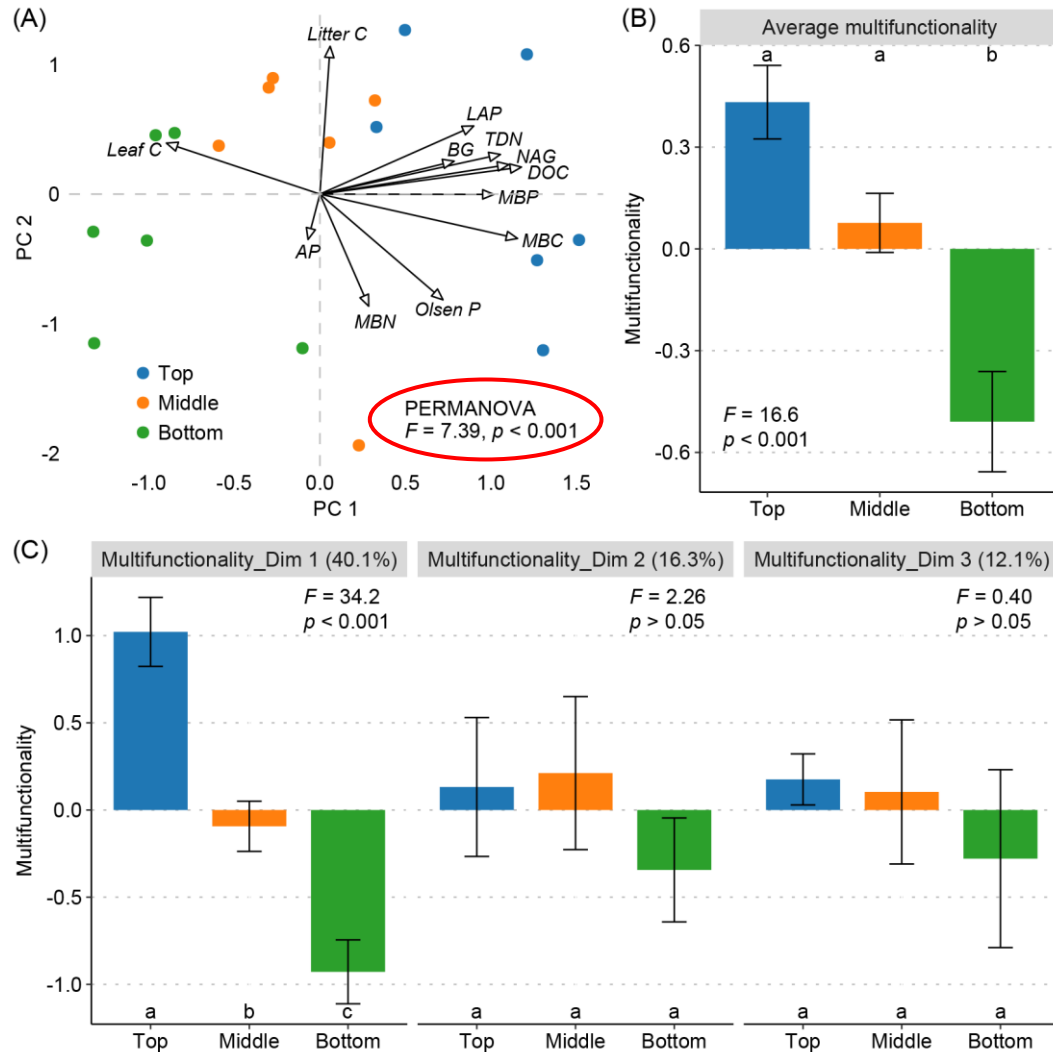


环境因子: 土壤水分、pH、容重、有机碳、氮磷比、总磷

根相关微生物: AM真菌、根瘤菌、细菌

生态系统功能: 微生物驱动的碳库 (溶解性有机碳、微生物生物量碳)、养分循环 (总溶解氮、有效磷、微生物生物量氮、微生物生物量磷)、有机质分解 (β -葡萄糖苷酶、乙酰氨基葡萄糖苷酶、亮氨酸氨基肽酶、碱性磷酸酶)、植物生产 (叶片碳含量、凋落物碳含量)

结果

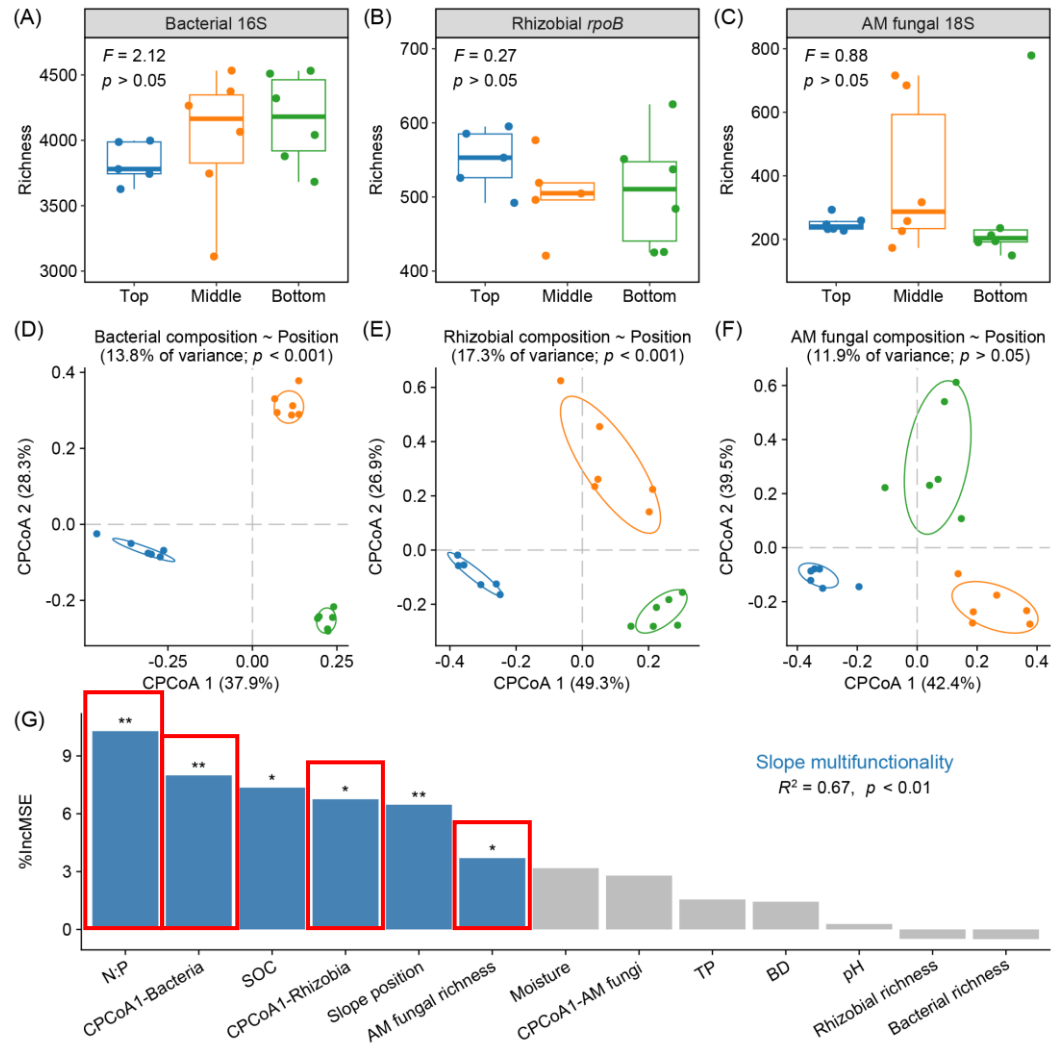


- 坡位显著影响多种生态系统功能及多功能性的分布，表现为从上坡到下坡**递减**。
- PCA划分了坡面多功能性的三个维度，共解释其**68.4%**的空间变异。
- 多功能性的第一维度（PC1）与平均多功能性趋势相似，由**微生物驱动的碳库**（DOC、MBC）和**有机质分解**（NAG、LAP）相关功能主导。

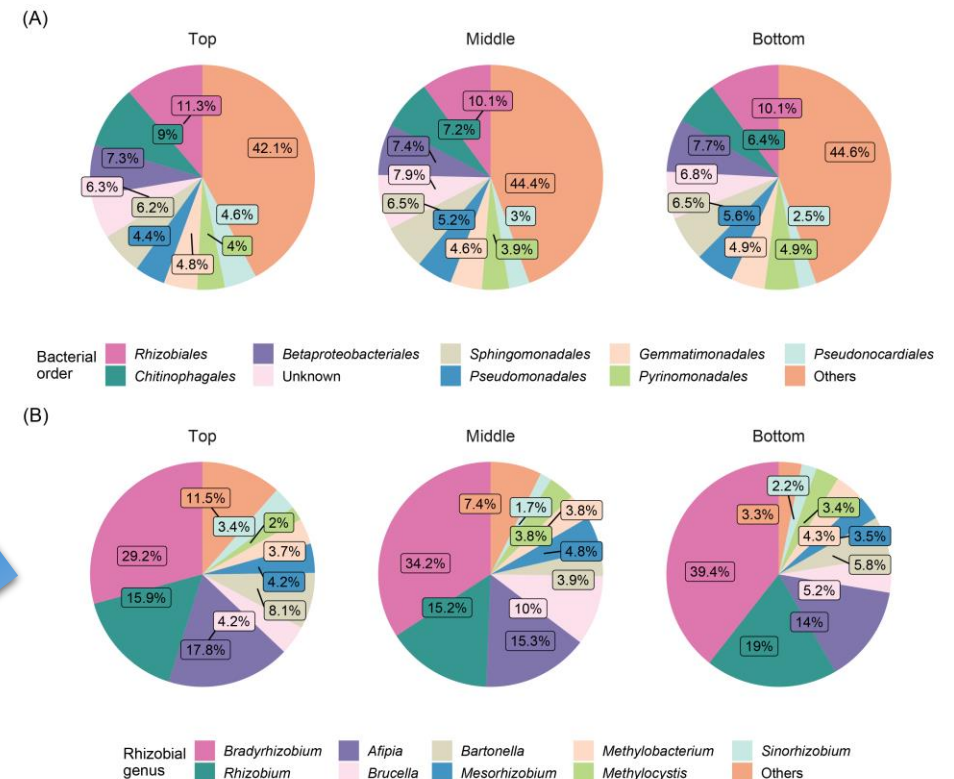
Table S1 Distribution of ecosystem functions related to four important services on the slope using linear mixed-effects models.

Service	Function	Top	Middle	Bottom	P
Microbially driven C pools	DOC (mg kg ⁻¹)	103±4.51 ^a	89.4±5.23 ^{ab}	76.4±3.40 ^b	**
	MBC (mg kg ⁻¹)	164±16.8 ^a	127±13.28 ^b	84.2±6.65 ^c	***
	TDN (mg kg ⁻¹)	29.4±1.84 ^a	28.3±1.67 ^a	21.4±1.76 ^b	*
Nutrient cycling	Olsen-P (mg kg ⁻¹)	0.38±0.10 ^a	0.35±0.14 ^a	0.16±0.03 ^a	n.s.
	MBN (mg kg ⁻¹)	14.3±1.31 ^a	13.3±1.68 ^a	12.9±2.06 ^a	n.s.
	MBP (mg kg ⁻¹)	6.02±0.93 ^a	5.67±0.41 ^a	2.91±0.30 ^b	**
Organic matter decomposition	BG (nmol g ⁻¹ h ⁻¹)	15.9±1.23 ^a	11.3±1.23 ^a	11.3±2.30 ^a	n.s.
	NAG (nmol g ⁻¹ h ⁻¹)	8.70±0.30 ^a	1.93±0.51 ^b	1.80±0.40 ^b	***
	LAP (nmol g ⁻¹ h ⁻¹)	40.7±2.16 ^a	33.2±1.63 ^b	27.7±1.21 ^b	**
Plant production	AP (nmol g ⁻¹ h ⁻¹)	73.2±5.94 ^a	74.4±5.21 ^a	82.9±4.86 ^a	n.s.
	Leaf C (g kg ⁻¹)	544±6.80 ^b	582±8.24 ^a	573±4.87 ^a	**
	Litter C (g kg ⁻¹)	509 ±6.73 ^a	518±7.70 ^a	497±6.66 ^a	n.s.

结果

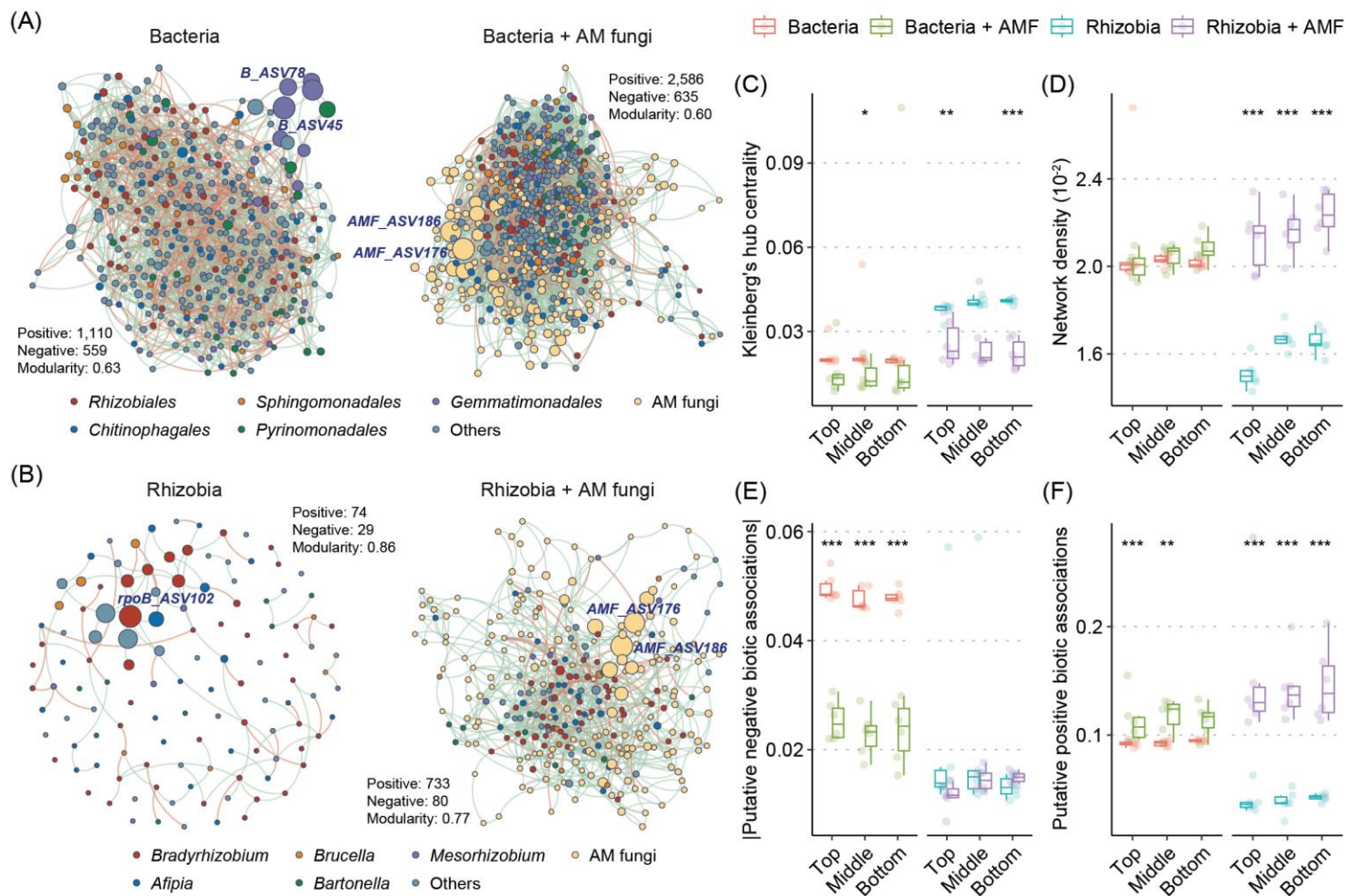


- AM真菌丰富度和细菌、根瘤菌组成共同驱动坡面多功能性的变异。
- 非生物因素中，指示磷限制的土壤氮磷比是主要驱动因子。



- 坡面上优势微生物类群分别是*Rhizobiales*和*Bradyrhizobium*。

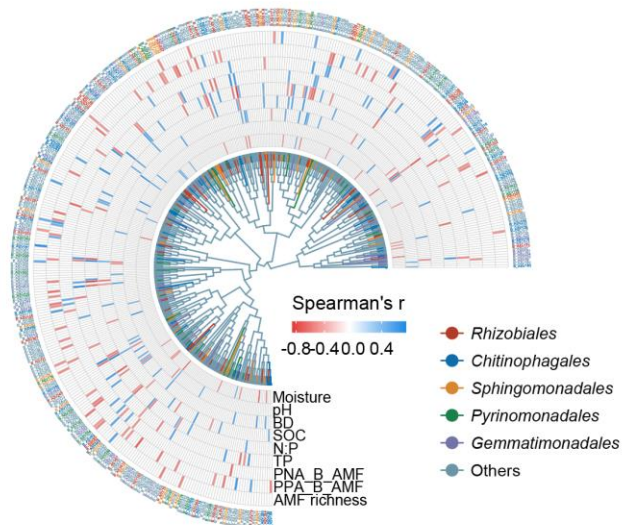
结果



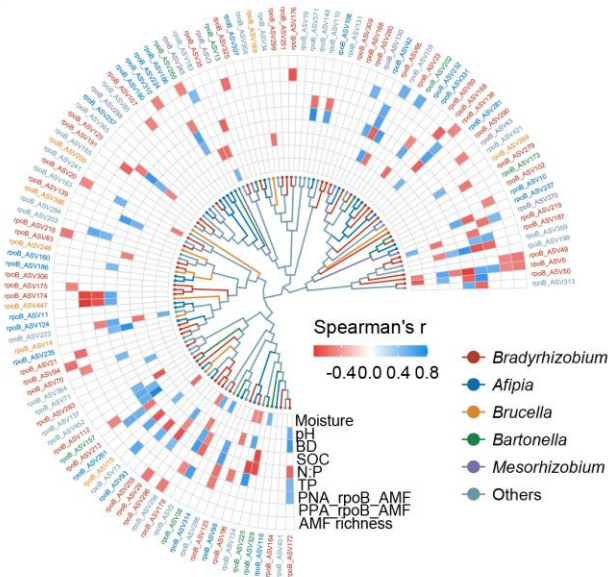
- AM真菌相互作用的加入显著提高了跨界网络连通性及复杂性，包括界内和界间的正负连接数。
- 两个来自AM真菌属的ASVs取代了原先的关键物种 *Gemmatimonadales* 和 *Bradyrhizobium*，并在跨界网络中扮演连通器的角色。
- 跨界网络中的正/负生物相互作用显著高/低于单界网络，且正相互作用远强于负相互作用，这与正负连接比例的变化一致。

结果

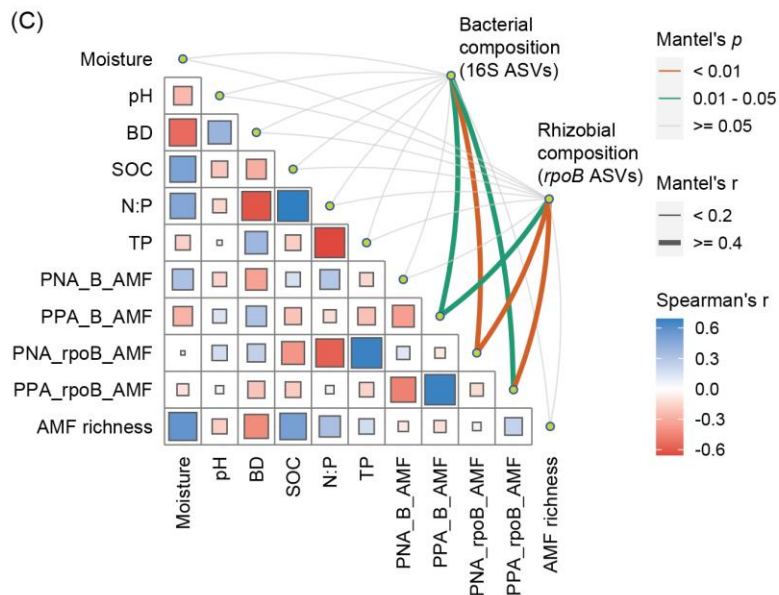
(A)



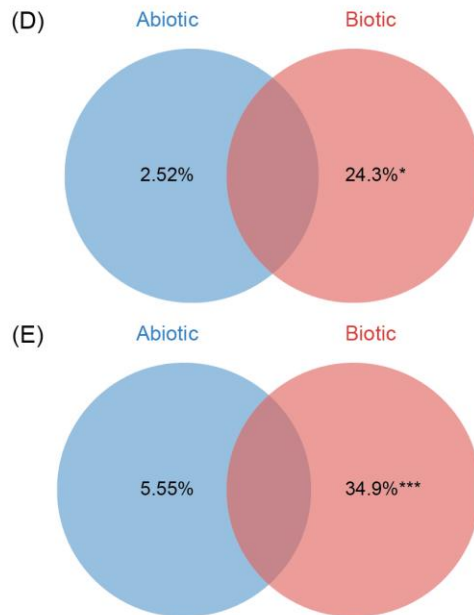
(B)



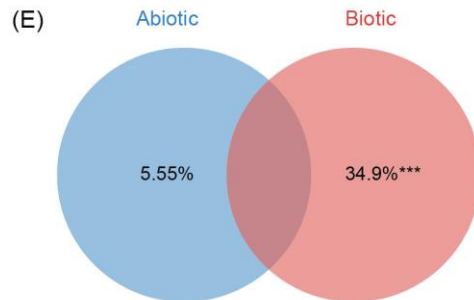
(C)



(D)



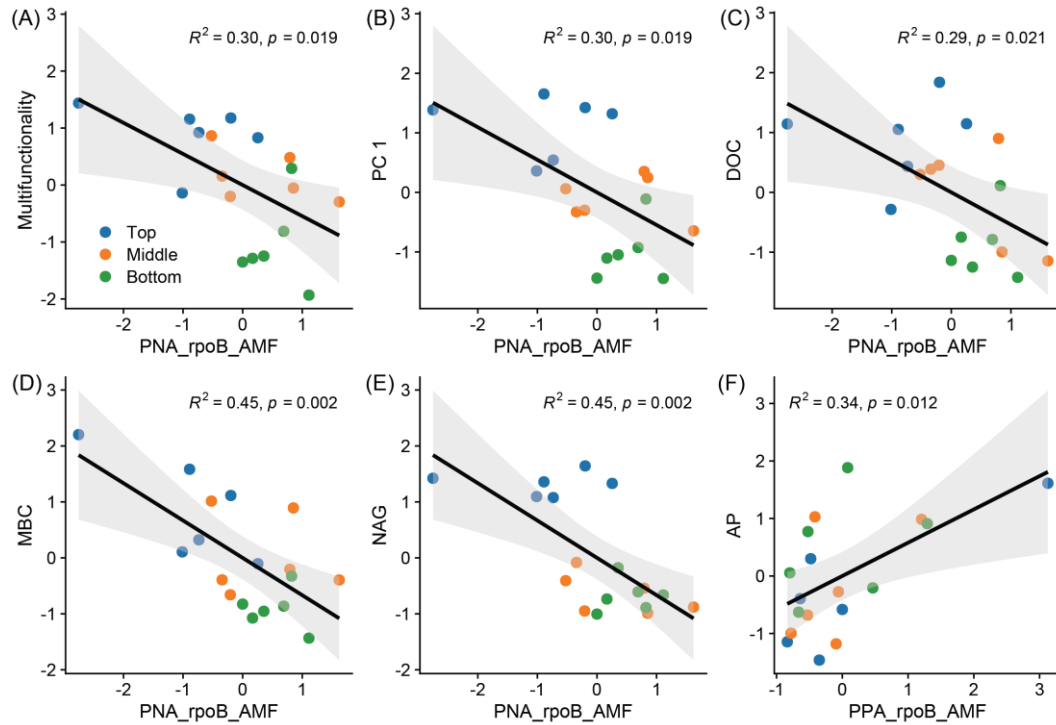
(E)



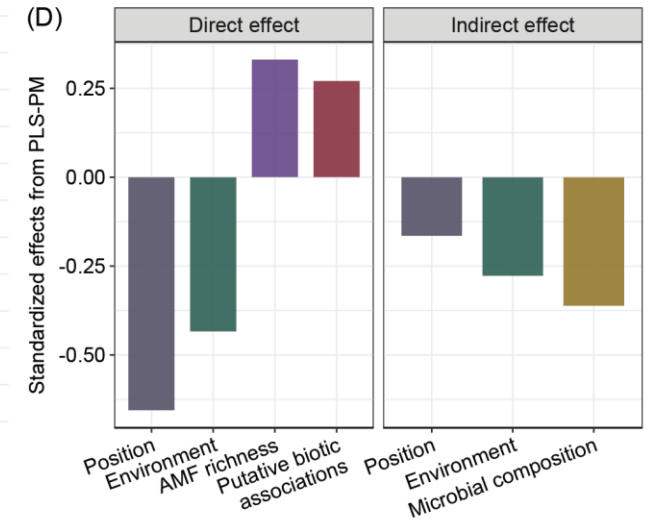
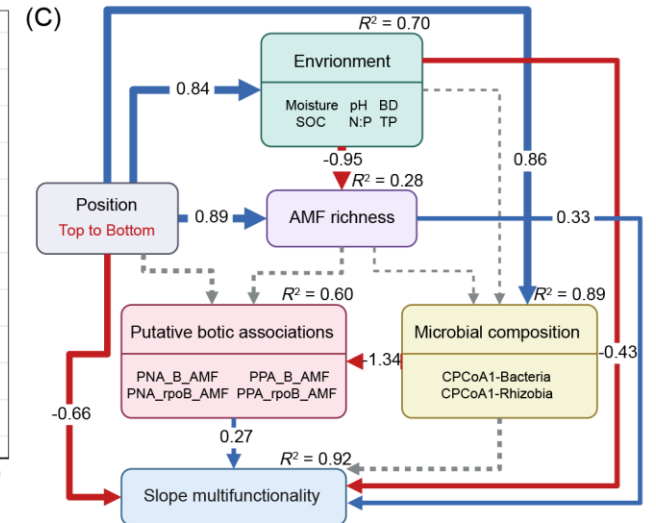
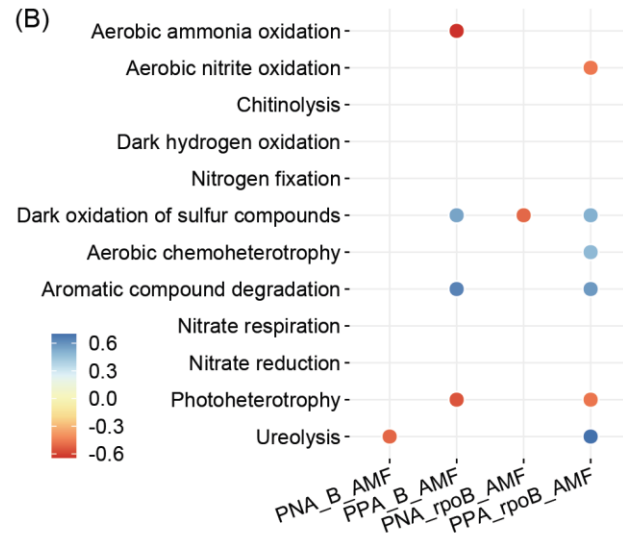
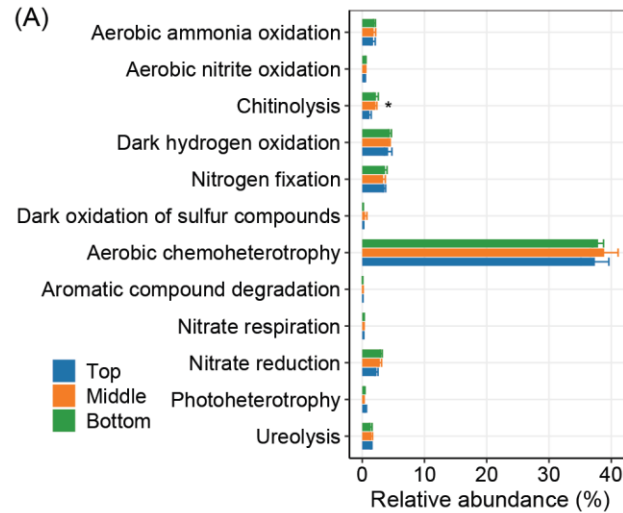
➤ 生物因素相比非生物因素在驱动细菌、根瘤菌群落组成方面具有显著更高的贡献比例，其中跨界生物相互作用（尤其是根瘤菌-AM真菌间）是关键贡献因素。

➤ 细菌、根瘤菌群落的构建过程和系统发育也和与AM真菌的生物相互作用高度相关。

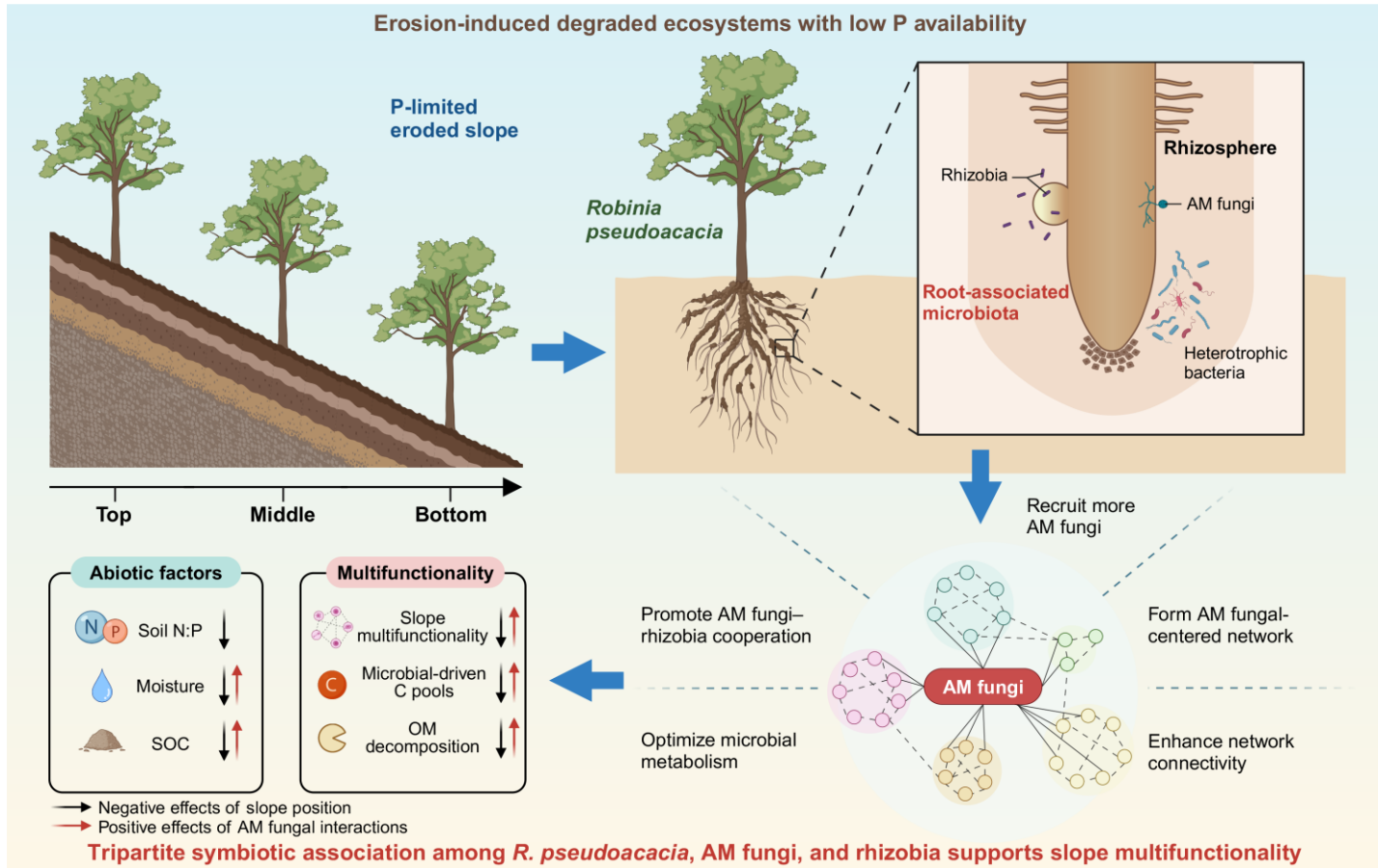
结果



➤ 更弱的根瘤菌-AM真菌负相互作用（即更少竞争）显著支持坡面多功能性，尤其是微生物驱动的碳库和木质素分解；而两者更强的协同作用带来更大的磷矿化潜力。

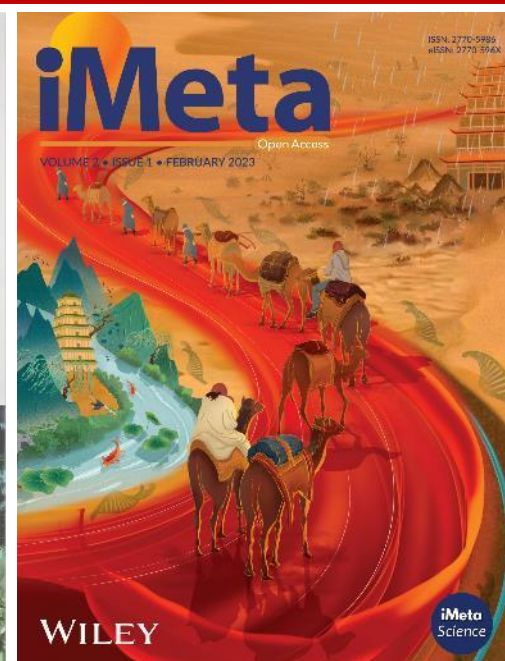
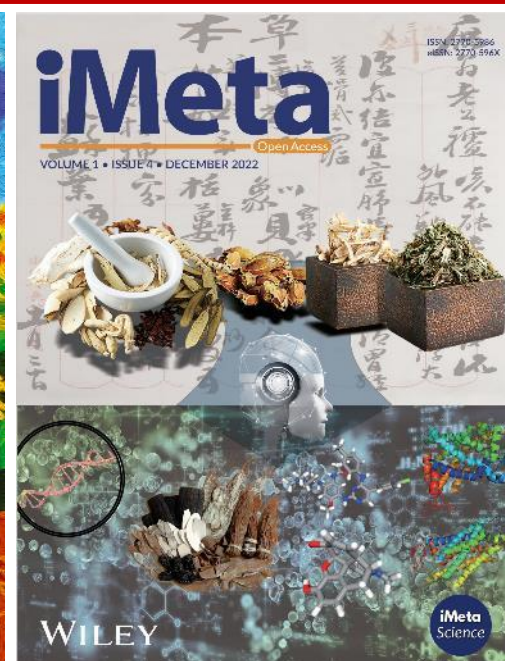
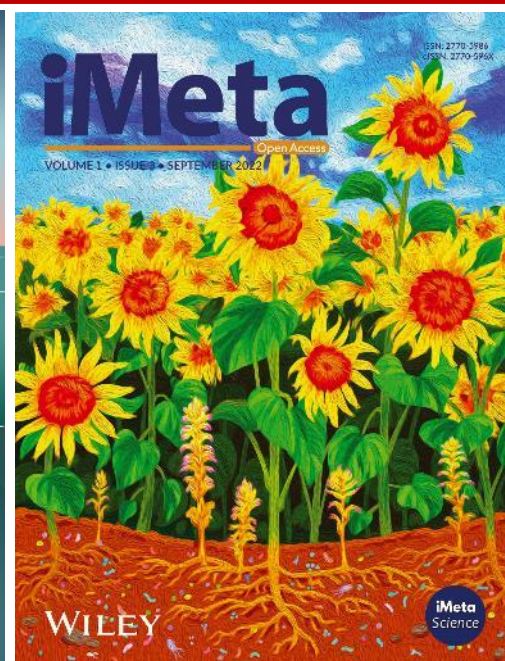


总结



- 坡面多维度生态系统功能与指示磷限制的土壤氮磷比趋势一致，很大程度上依赖于根相关微生物适应氮磷失衡而激活的生物机制。
- 通过富集关键共生和异养微生物，刺槐根际形成了以AM真菌为核心的地下网络，显著促进了微生物群的共存与合作。
- 刺槐-AM真菌-根瘤菌三方共生支持整个坡面的生态系统功能，如难分解化合物降解、支持化学需氧类群和释放磷矿化潜力。

Tianyi Qiu, Josep Peñuelas, Yinglong Chen, Jordi Sardans, Jialuo Yu, Zhiyuan Xu, Qingliang Cui, Ji Liu, Yongxing Cui, Shuling Zhao, Jing Chen, Yunqiang Wang, Linchuan Fang. 2024. Arbuscular mycorrhizal fungal interactions bridge the support of root-associated microbiota for slope multifunctionality in an erosion-prone ecosystem. *iMeta* 3: e187. <https://doi.org/10.1002/imt2.187>



“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>20)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、中英双语、50万用户的社交媒体宣传等。2022年2月发行，相继被ESCI、Google Scholar、DOAJ、Scopus等数据库收录，发文161篇，被引2316次(Dimension, 2024/2/19)!



主页: <http://www.imeta.science>

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



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>



office@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)

