

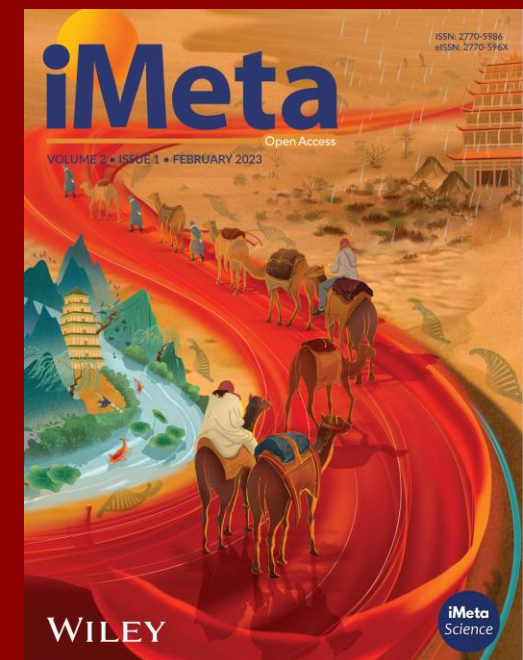


长期氮输入通过改变生活史策略降低温带草原土壤细菌网络复杂性

王超¹, 石紫阅¹, 李澳归¹, 耿天懿¹, 刘玲莉², 刘卫星^{1*}

¹中国农业科学院农业资源与农业区划研究所

²中国科学院植物研究所



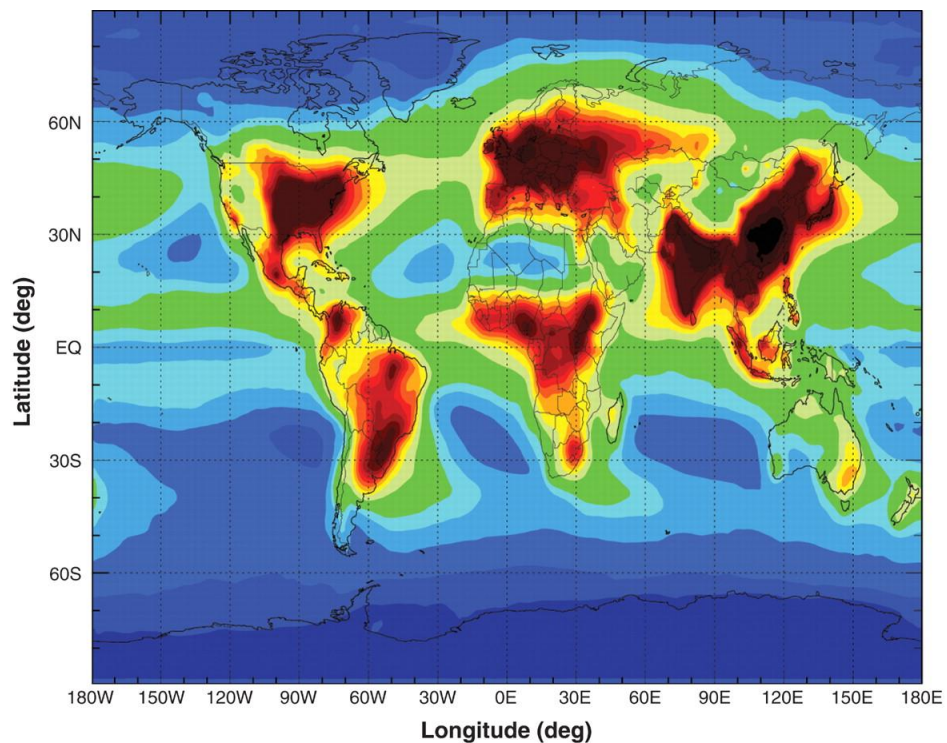
Wang Chao, Ziyue Shi, Aogui Li, Tianyi Geng, Lingli Liu, Weixing Liu. 2024. Long-term nitrogen input reduces soil bacterial network complexity by shifts in life-history strategy in temperate grassland. *iMeta* 3: e194.

<https://doi.org/10.1002/imt2.194>

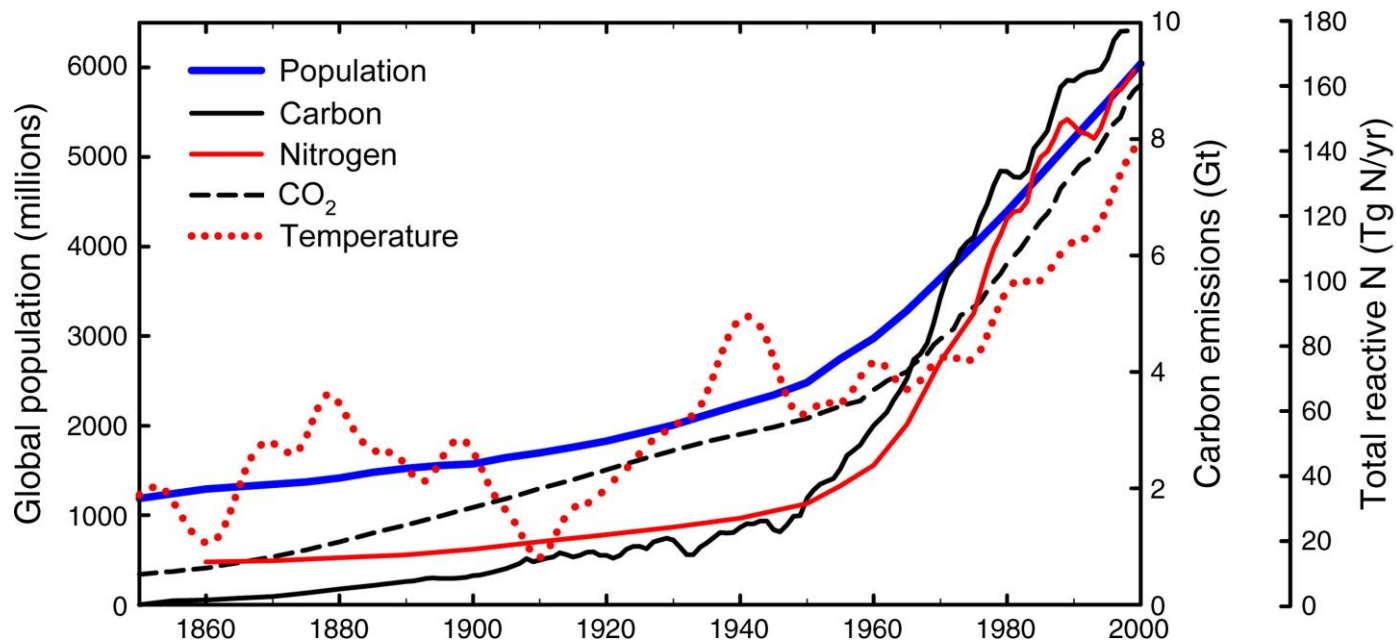


背景

- 全球大气氮沉降逐年增加，预计到2050年氮沉降将增加一倍。



(Galloway et al., 2008 Science)

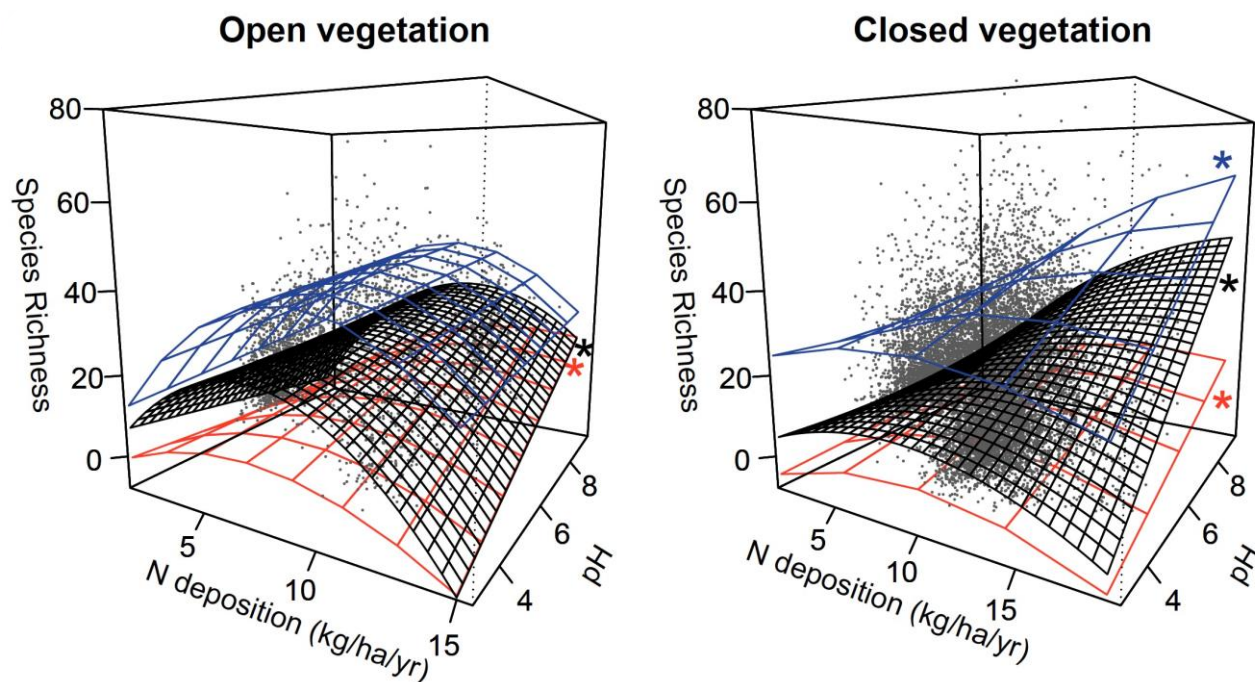


(Smith et al., 2009 Ecology)

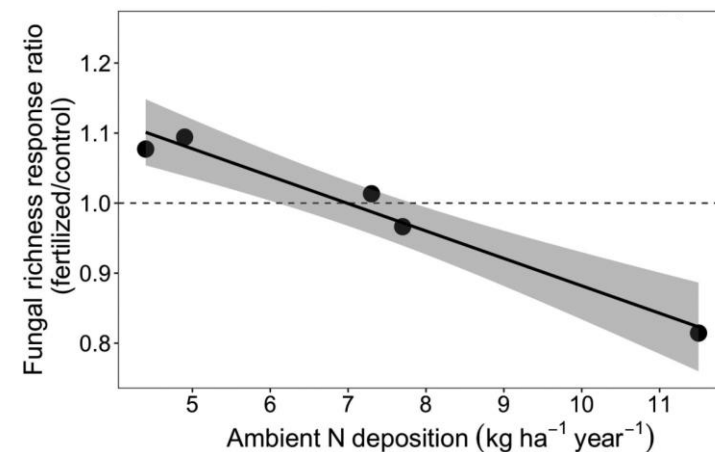
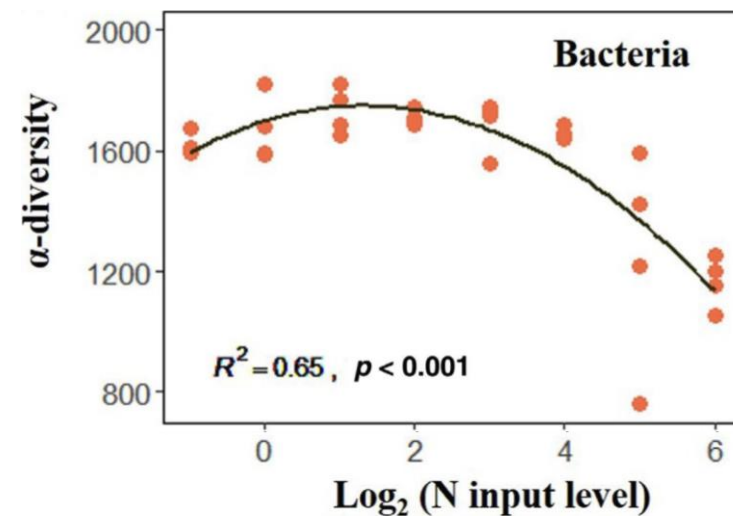


背景

- 氮沉降造成的氮富集对植物、微生物多样性、群落和陆地生态系统的功能构成严重威胁。



(Simkin et al., 2016 PNAS)

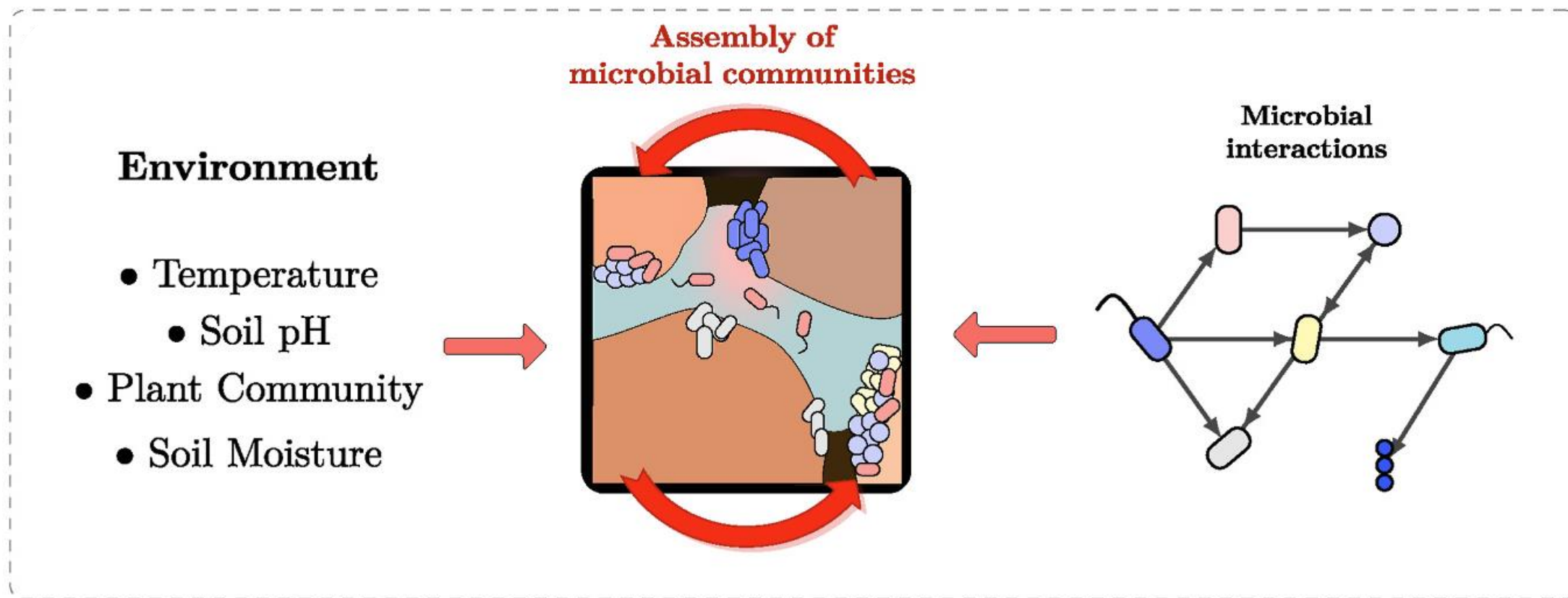


(Liu et al., 2021 GCB; Moore et al., 2020 GCB)



背景

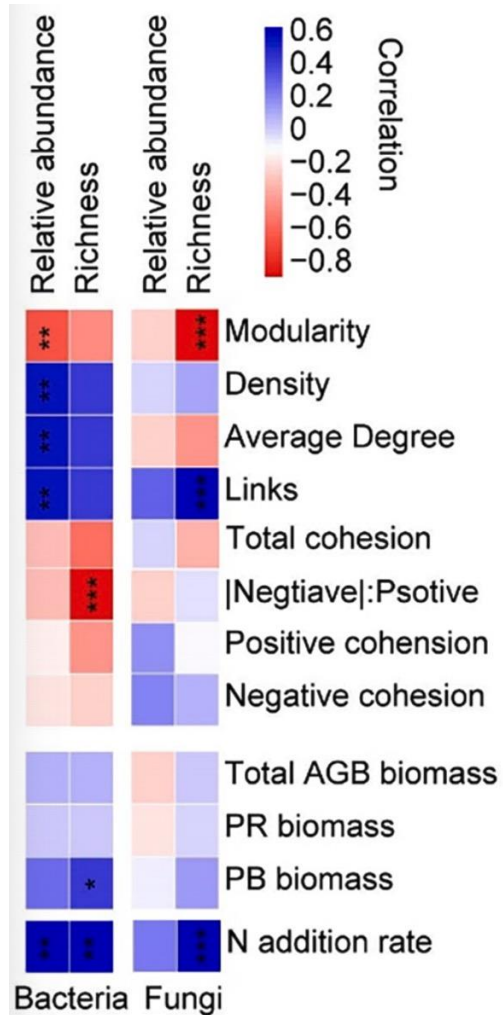
- 微生物种群的变化可以引发微生物之间相互作用的变化，这在维持微生物网络的复杂性、稳定性和功能方面发挥着重要作用。



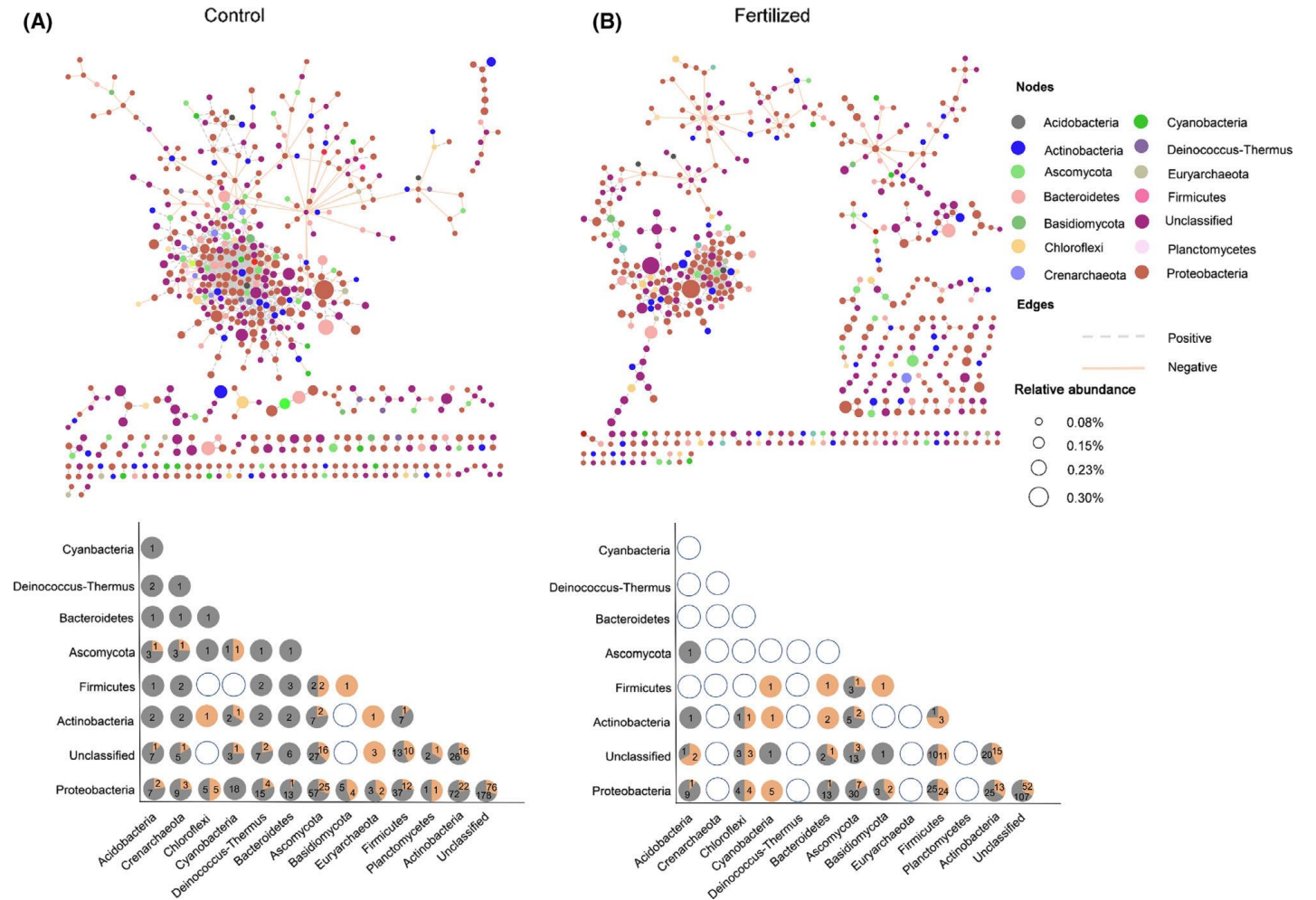


背景

- 施氮后土壤细菌相互作用和网络复杂性增加，归因于关键类群数量的增加；
- 连续施氮150年后，土壤细菌网络的复杂性显著降低，群落内合作关系减少。



(Chen et al., 2022 Ecological Indicators)



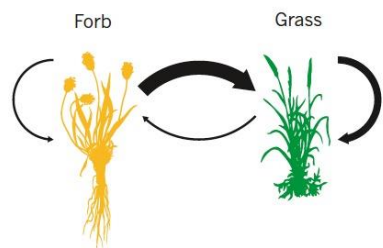
(Huang et al., 2019 Microbial Biotechnology)



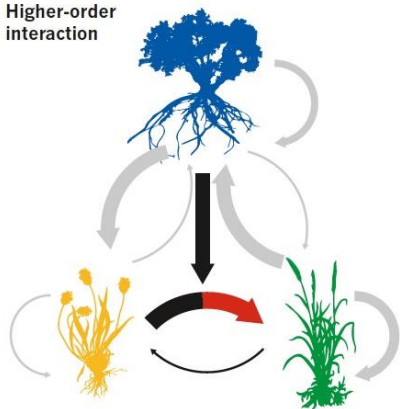
背景

- 群落生态学家提出，竞争性相互作用的存在能促进高阶相互作用，从而增强共现网络的复杂性和稳定性。

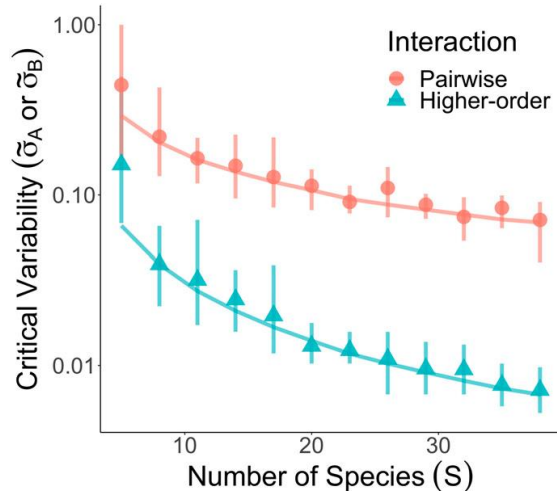
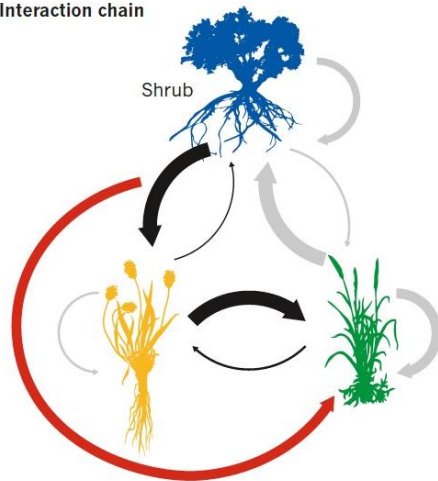
a Pairwise interaction



c Higher-order interaction

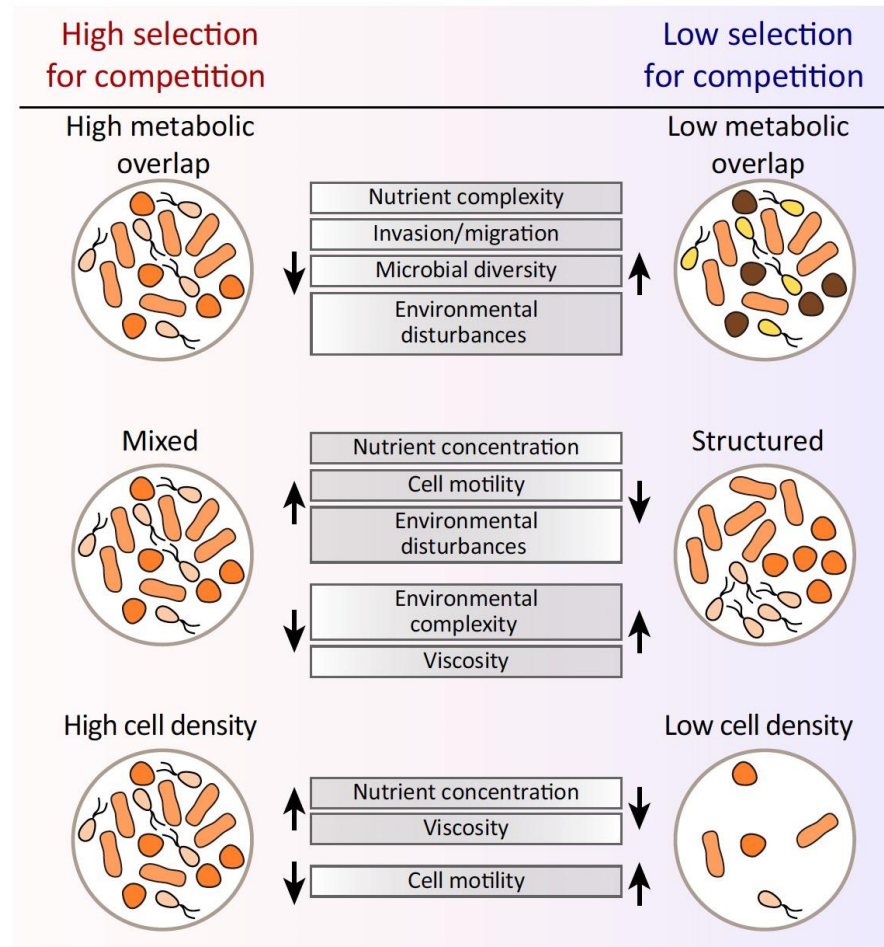


b Interaction chain



(Levine et al., 2017 Nature)

(Gibbs et al., 2022 PNAS)



(Ghoul and Mitri, 2016 Trends in Microbiology)



实验平台和科学问题

实验平台：

- 温带草原长期多水平氮添加试验（内蒙古多伦）
- 8个氮输入水平（0、1、2、4、8、16、32、64 g N m⁻² y⁻¹）



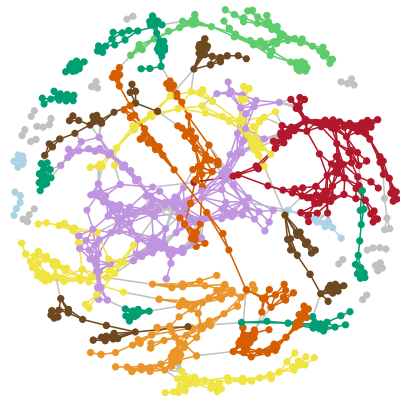
科学问题：

- （1）在氮富集条件下，微生物丰富度的降低是否会导致微生物网络复杂性的降低？
- （2）微生物网络复杂性中的合作（竞争）相互作用的变化如何响应氮富集？
- （3）由于土壤真菌与植物的联系更为密切，真菌网络复杂性是否对氮富集响应更敏感？

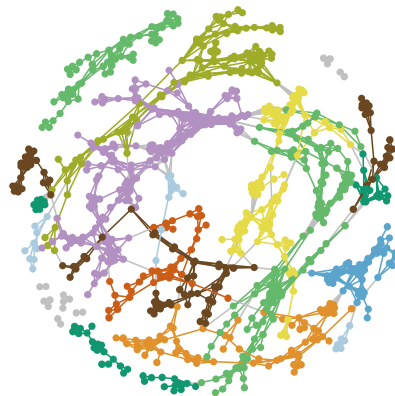


结果

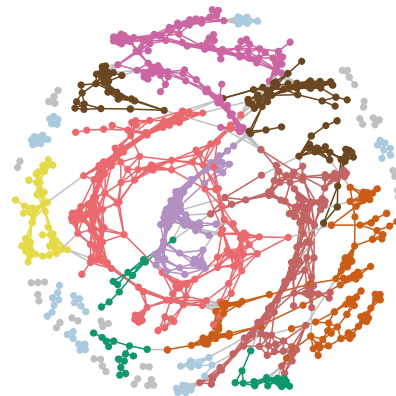
(A) Nodes = 928, Edges = 3067
N0



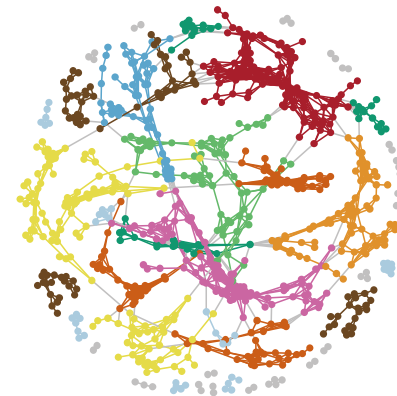
Nodes = 884, Edges = 3002
N1



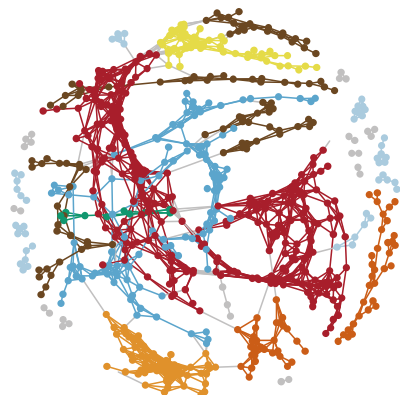
Nodes = 875, Edges = 3320
N2



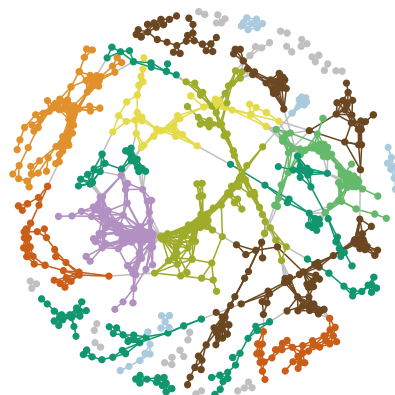
Nodes = 854, Edges = 2881
N4



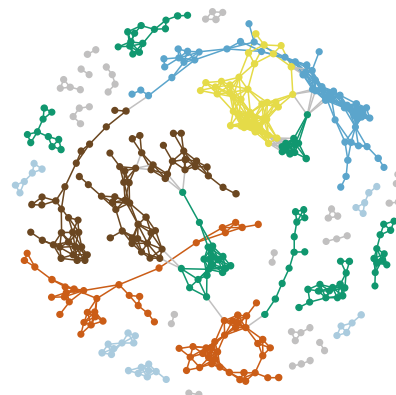
Nodes = 737, Edges = 2702
N8



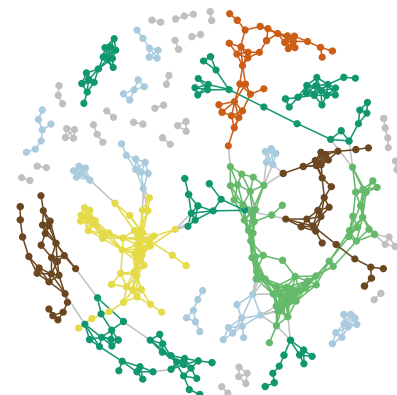
Nodes = 772, Edges = 2538
N16



Nodes = 411, Edges = 1057
N32



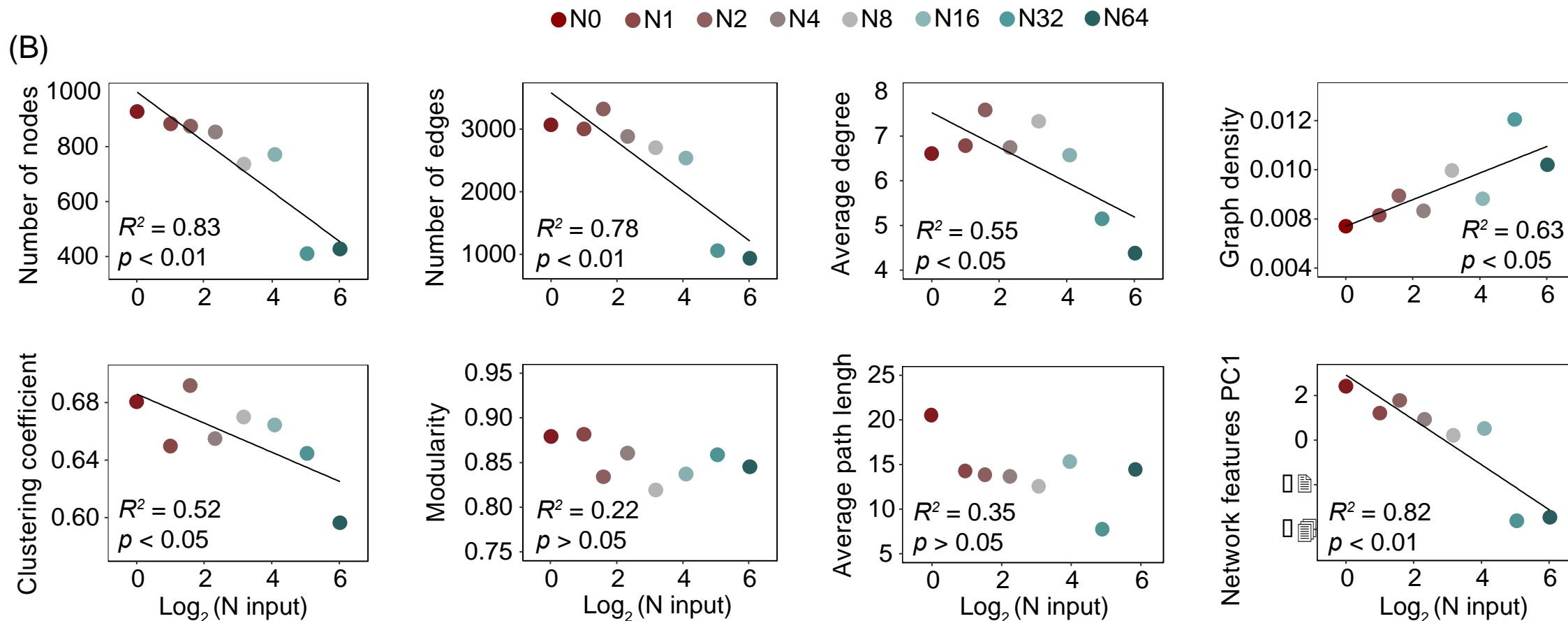
Nodes = 428, Edges = 937
N64



- 随着氮输入的增加，细菌网络中节点和边的数量减少。



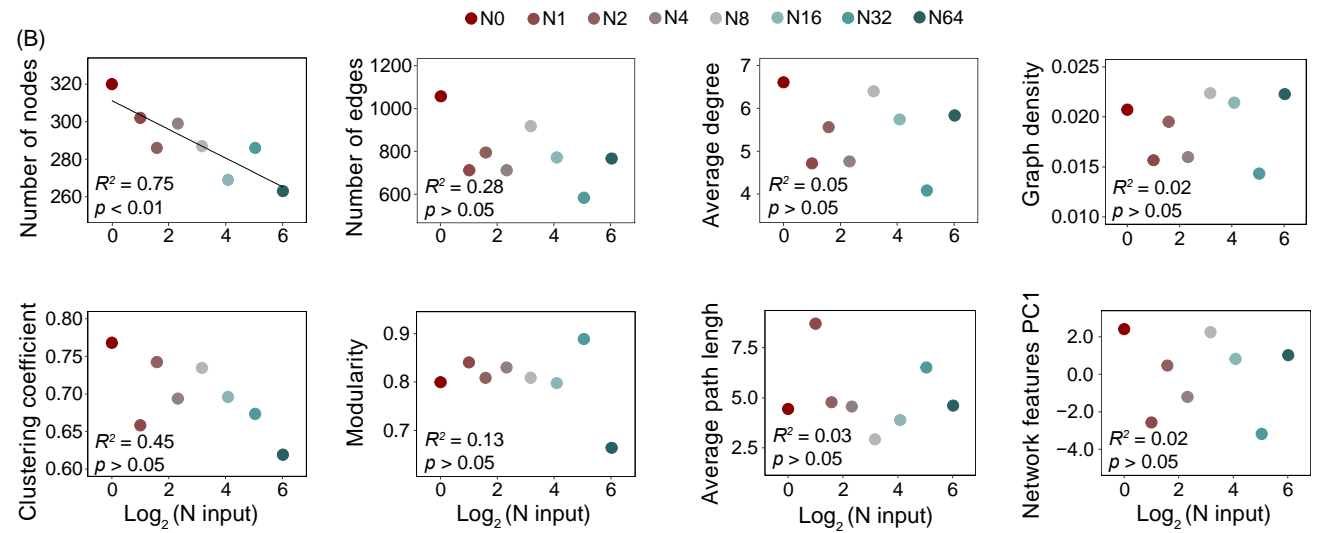
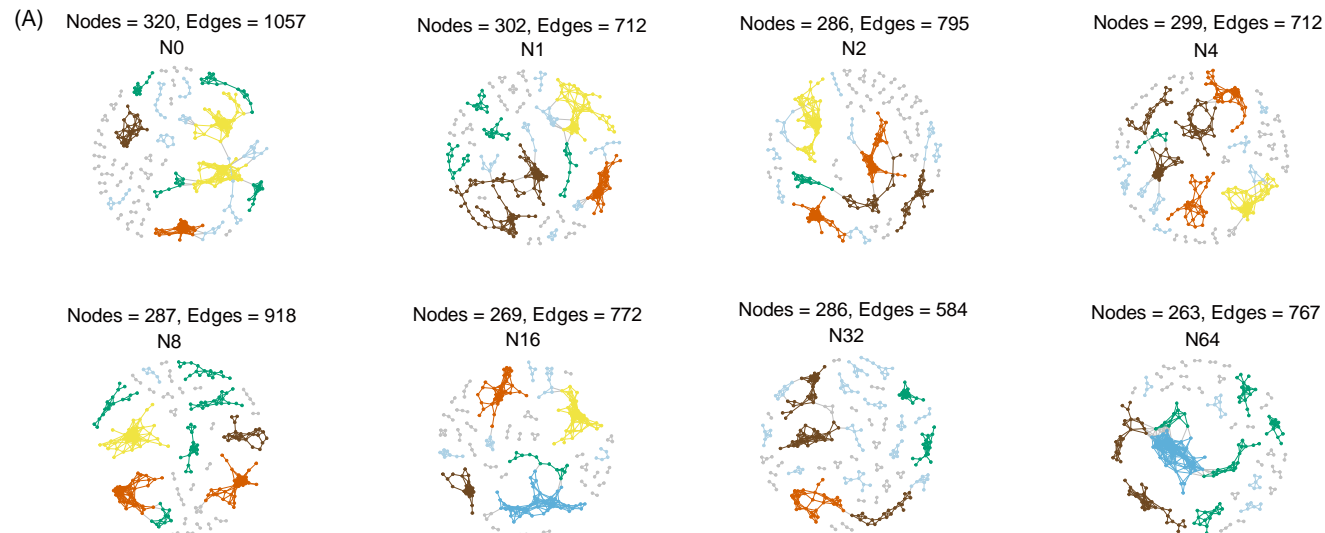
结果



- 随着氮输入的增加，细菌网络拓扑参数（节点和边的数量、平均度、聚类系数以及利用拓扑参数进行PCA分析的PC1值）呈现显著的递减。



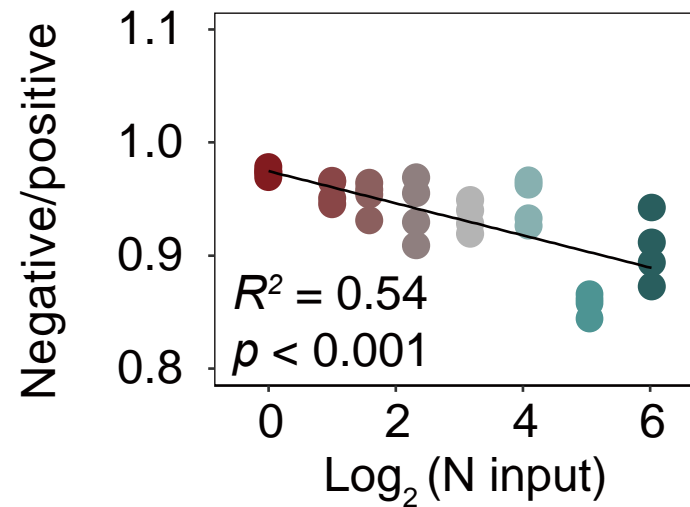
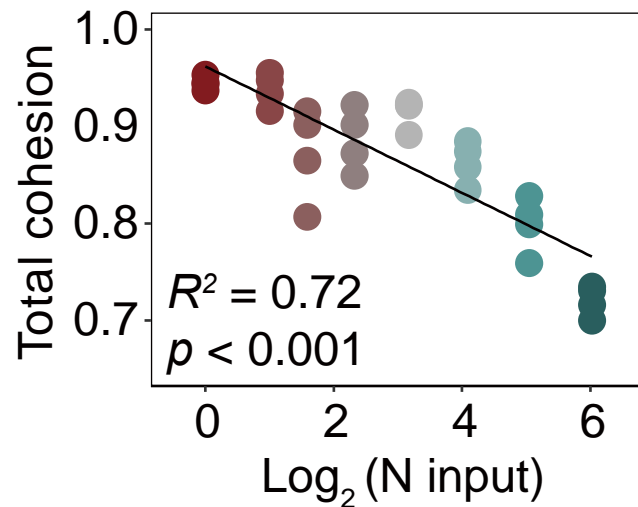
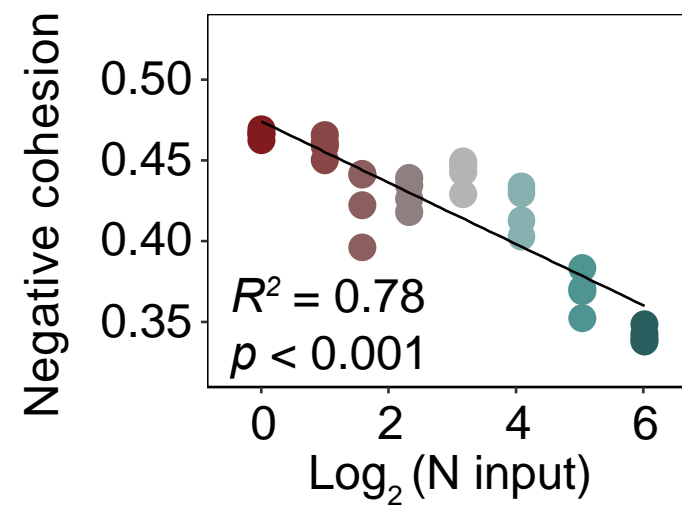
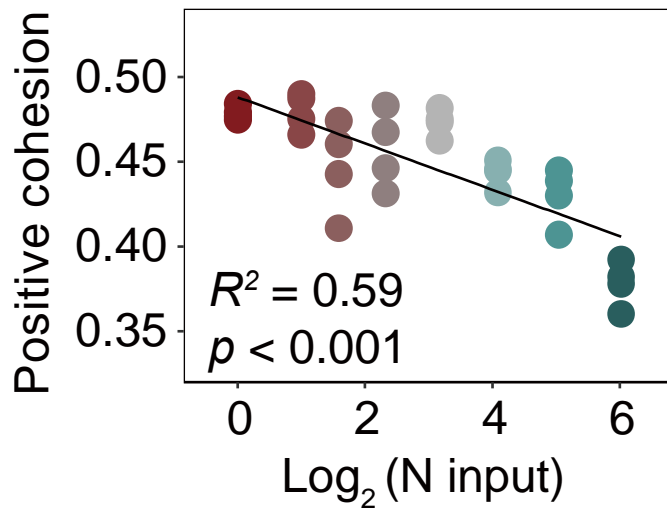
结果



- 随着氮输入增加，除节点的数量之外，其它拓扑参数没有发生显著变化。



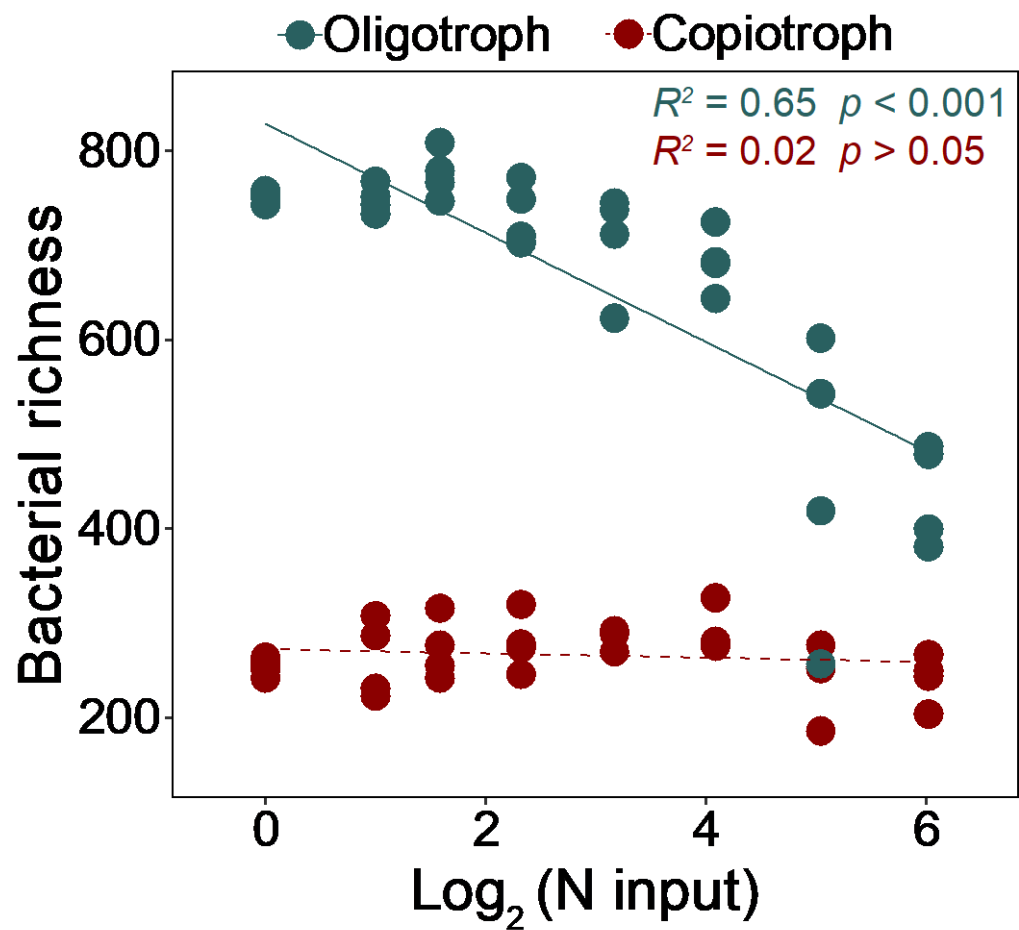
结果



- 通过计算细菌共现网络的凝聚力发现，随着氮输入的增加，正、负、总凝聚力，以及负/正凝聚力比率均降低。



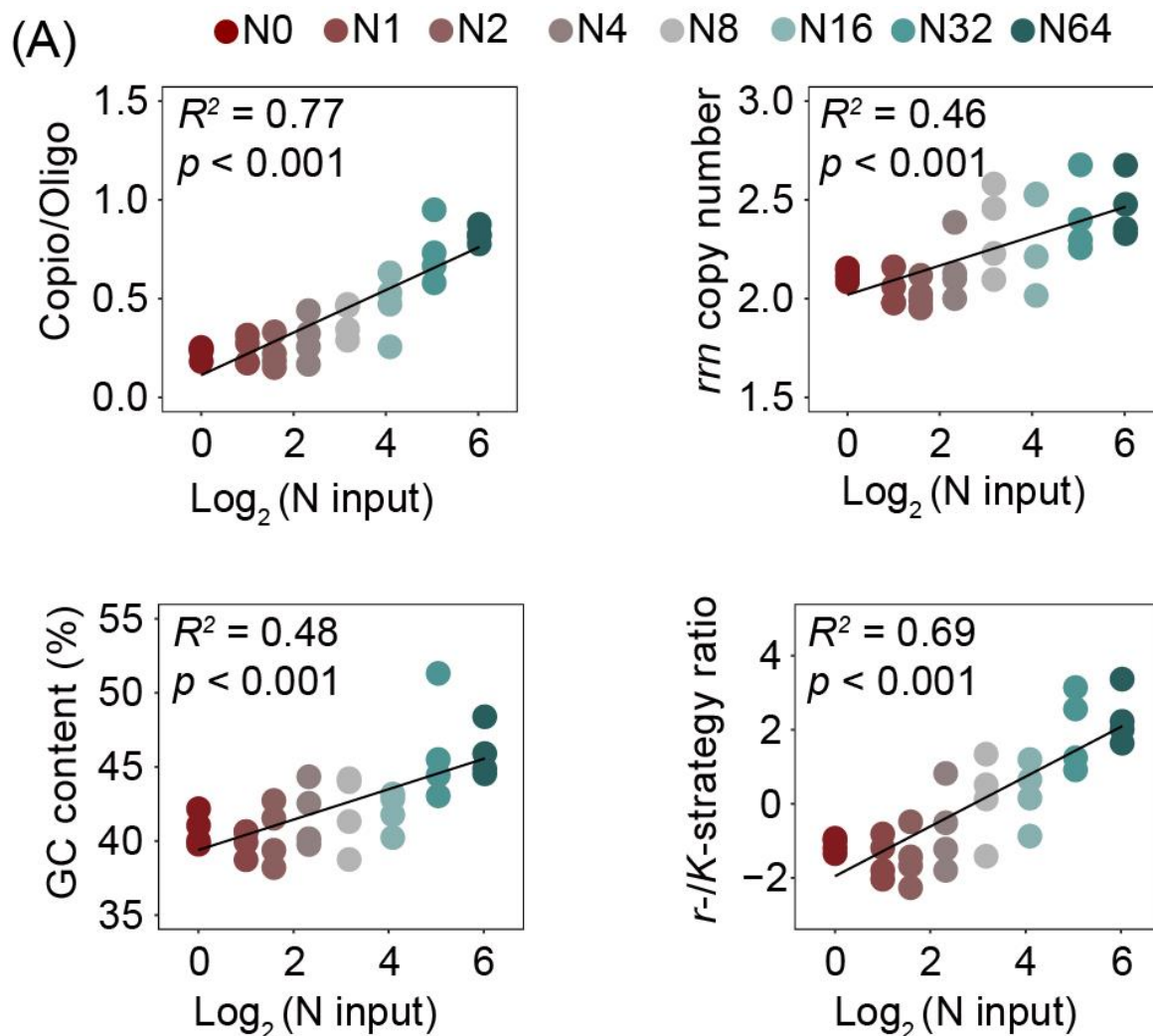
结果



- 细菌丰富度的降低归因于寡营养类群的丧失。



结果

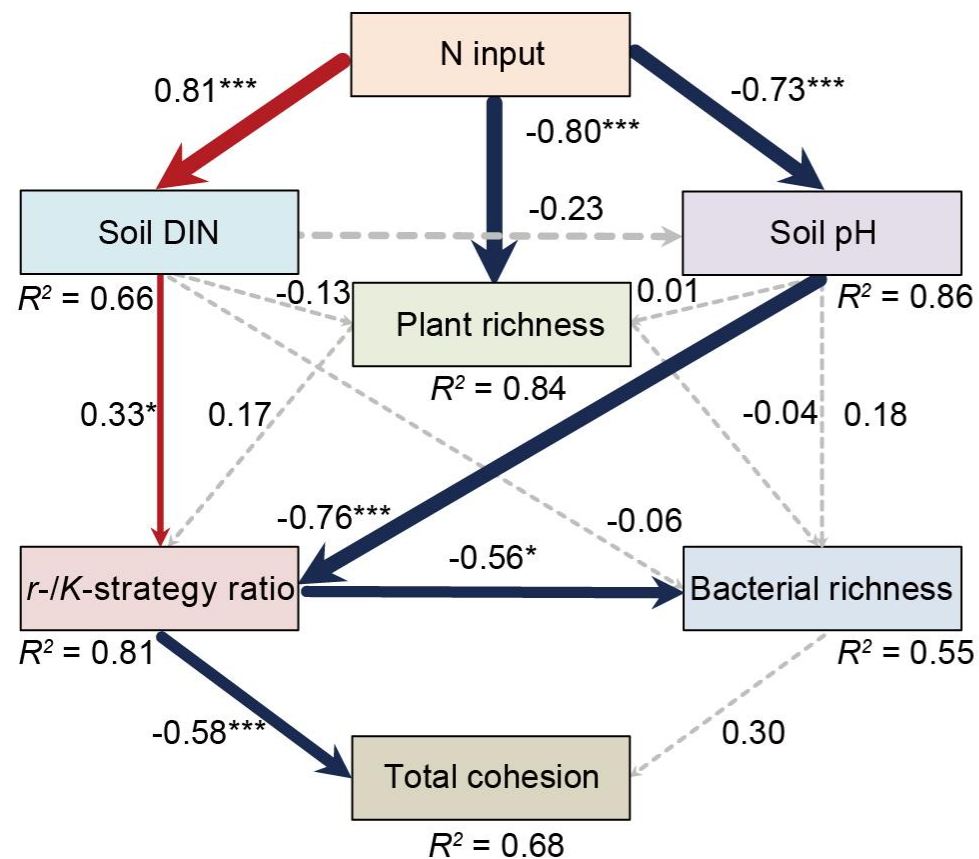


- 随着氮输入的增加，细菌性状（富营养/寡营养细菌比率（Copio/Oligo）、核糖体RNA操纵子（*rrn*）拷贝数、鸟嘌呤-胞嘧啶（GC）含量和代表细菌*r-/K*-策略比率的PC1值）呈现显著的递增。

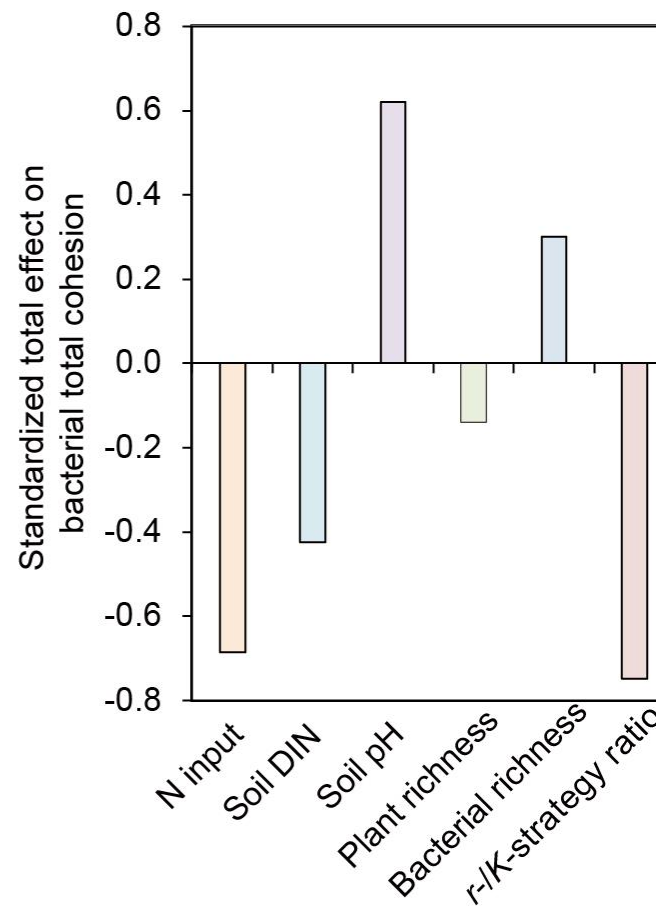


结果

(C)



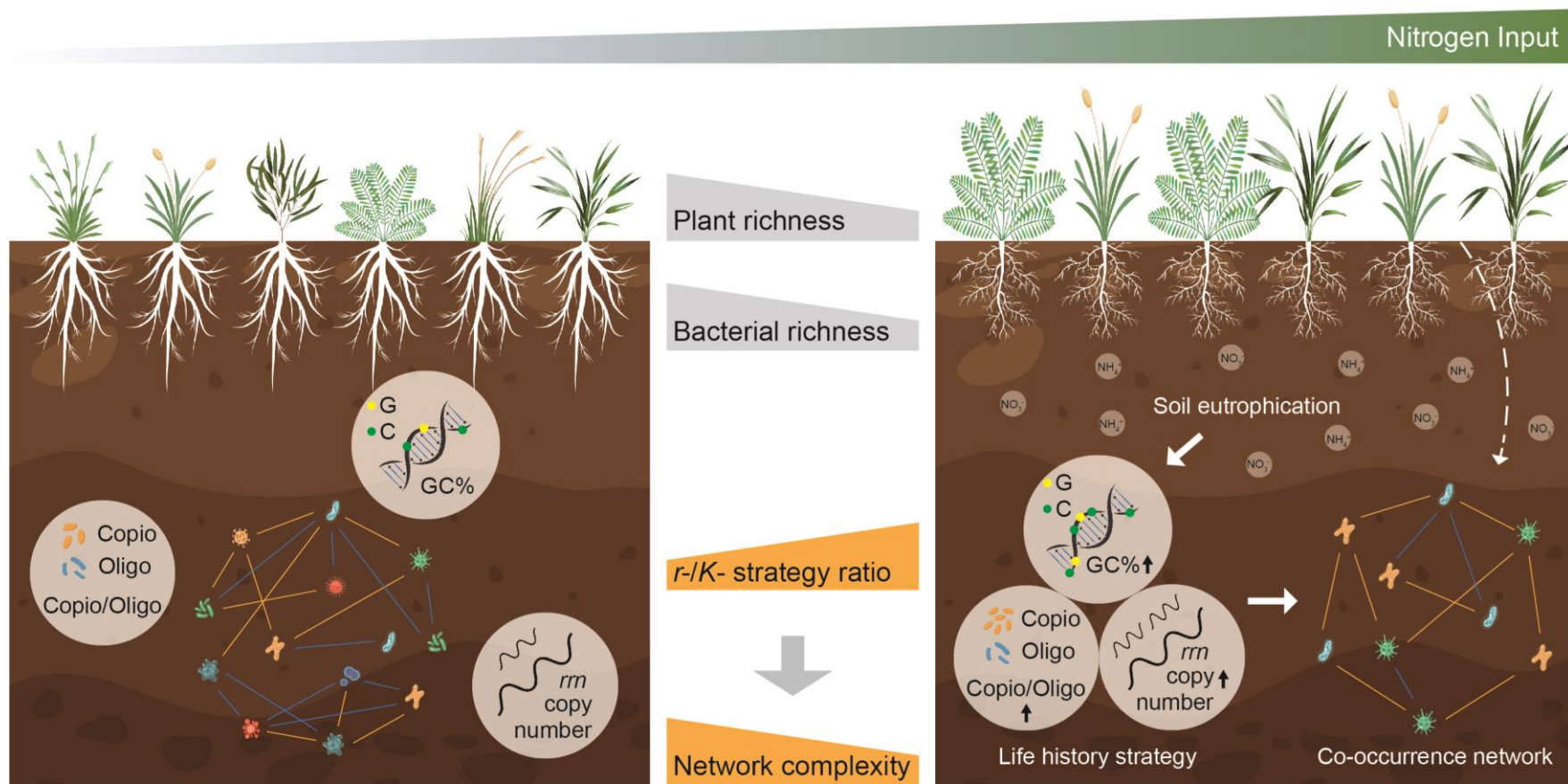
AIC = 864.691, Fisher's C = 16.748, $p = 0.159$, $df = 12$



- SEM结果表明，氮输入通过增加土壤DIN和降低土壤pH，改变细菌r-/K-策略比率，从而影响总凝聚力。

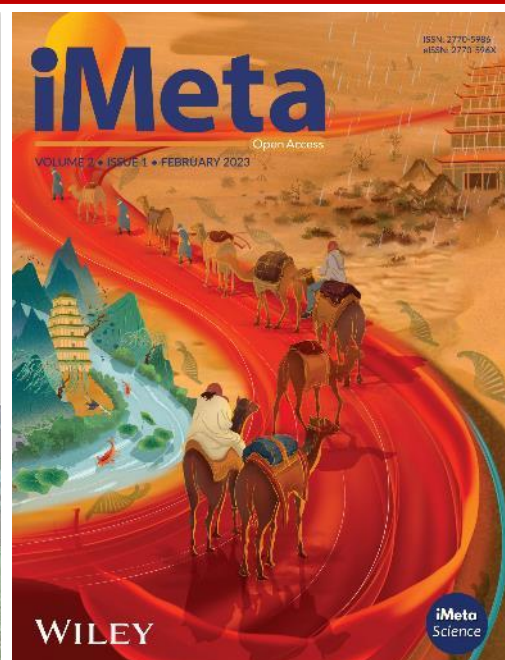
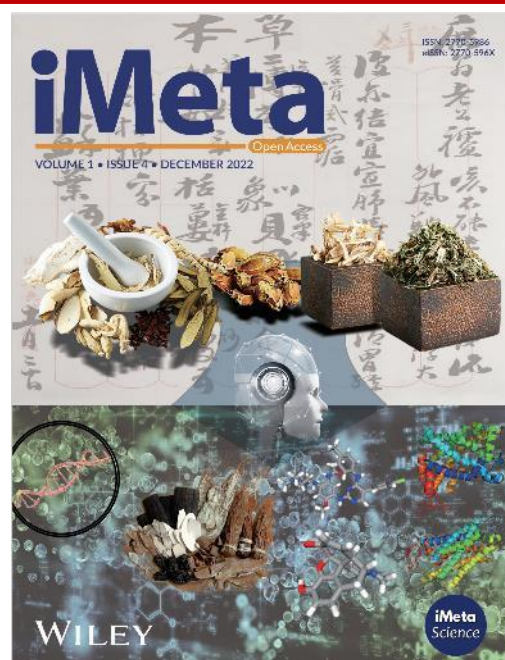
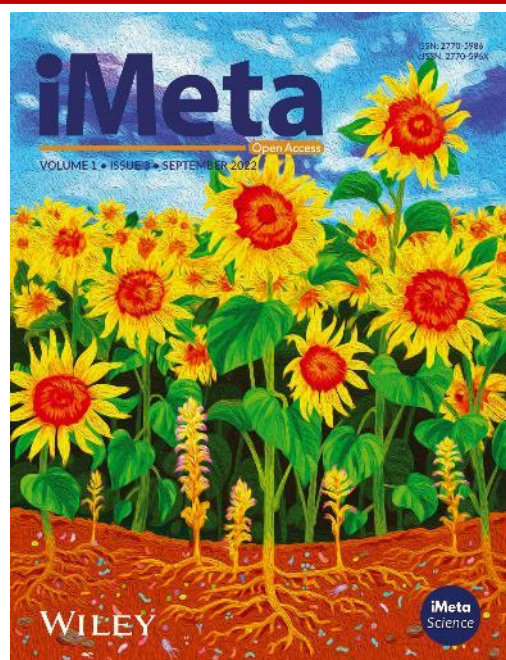


总结



- 土壤细菌共现网络复杂性和负/正凝聚力比值均随施氮量的增加而降低；
- 土壤细菌群落向富营养型优势转变， $r-/K-$ 策略比增加；
- 氮富集条件下 $r-/K-$ 策略比的增加导致细菌共现网络复杂性降低。

Wang Chao, Ziyue Shi, Aogui Li, Tianyi Geng, Lingli Liu, Weixing Liu. 2024. Long-term nitrogen input reduces soil bacterial network complexity by shifts in life-history strategy in temperate grassland. *iMeta* 3: e194. <https://doi.org/10.1002/imt2.194>



“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](#)

