

# 有机农业长期定位试验：番茄内生细菌群落变化

张泽宇<sup>1</sup>, 肖扬<sup>2</sup>, 詹亚斌<sup>1</sup>, 张增强<sup>3</sup>, 刘卹洲<sup>4</sup>, 魏雨泉<sup>1</sup>,  
许艇<sup>1</sup>, 李季<sup>1\*</sup>

1. 中国农业大学资源与环境学院, 北京 100193
2. 中国农业大学水利与土木工程学院, 北京100083
3. 西北农林科技大学资源与环境科学学院, 杨凌 712021
4. 江苏省农业科学院植物保护研究所, 南京 210000



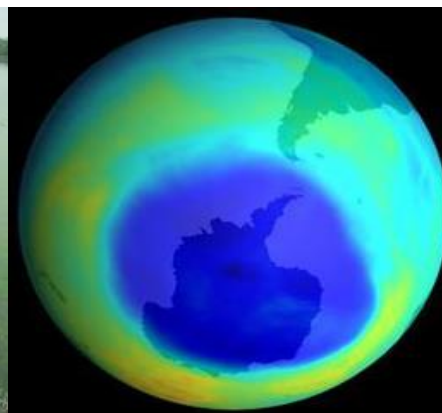
# 研究背景



土壤板结



水体富营养化



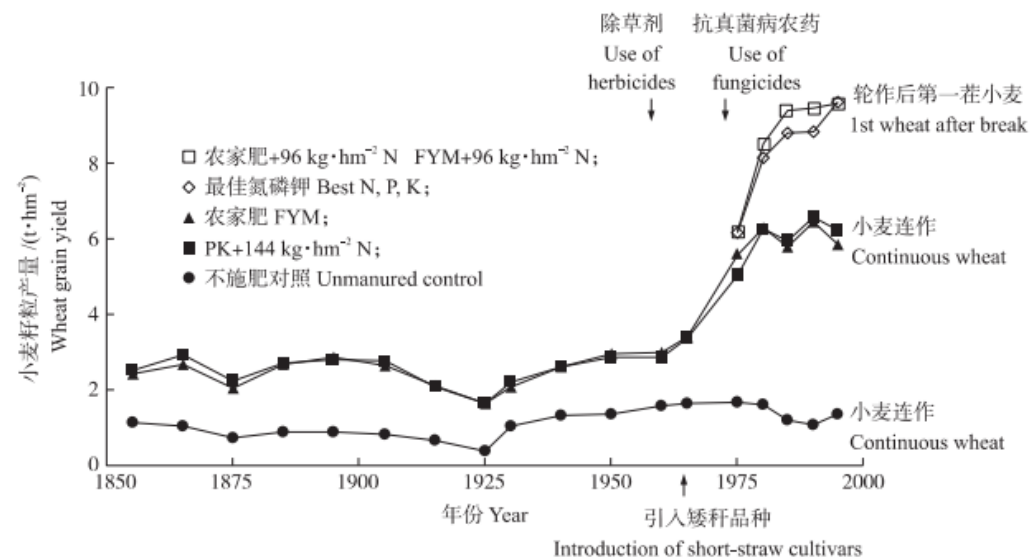
臭氧层空洞



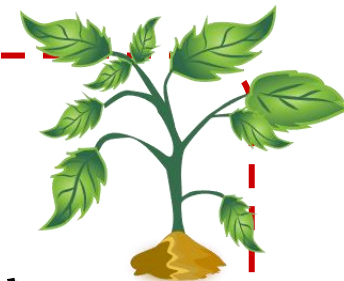
生物多样性降低



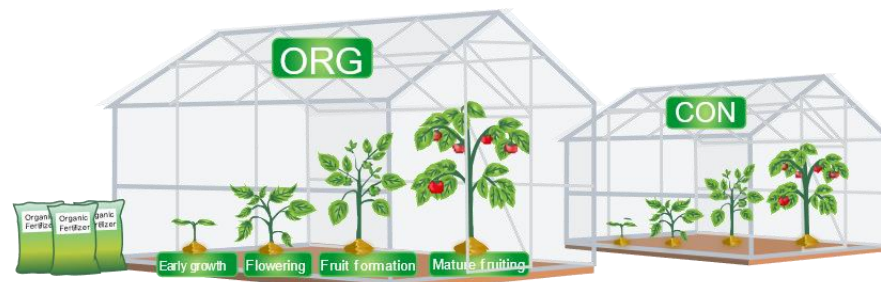
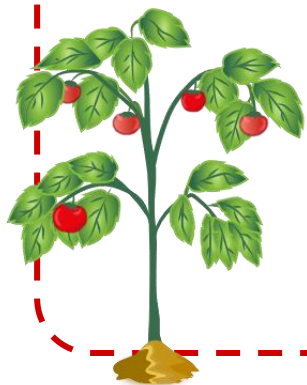
洛桑试验站长期定位试验



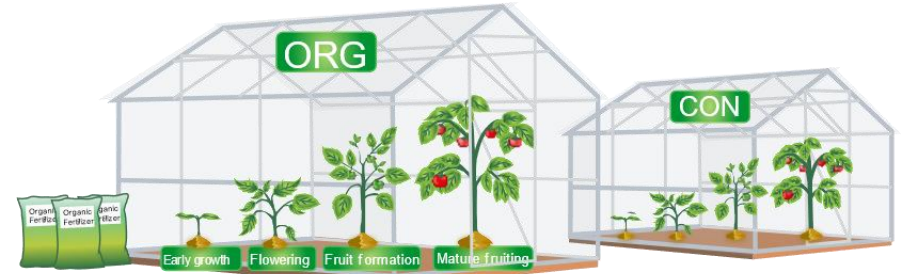
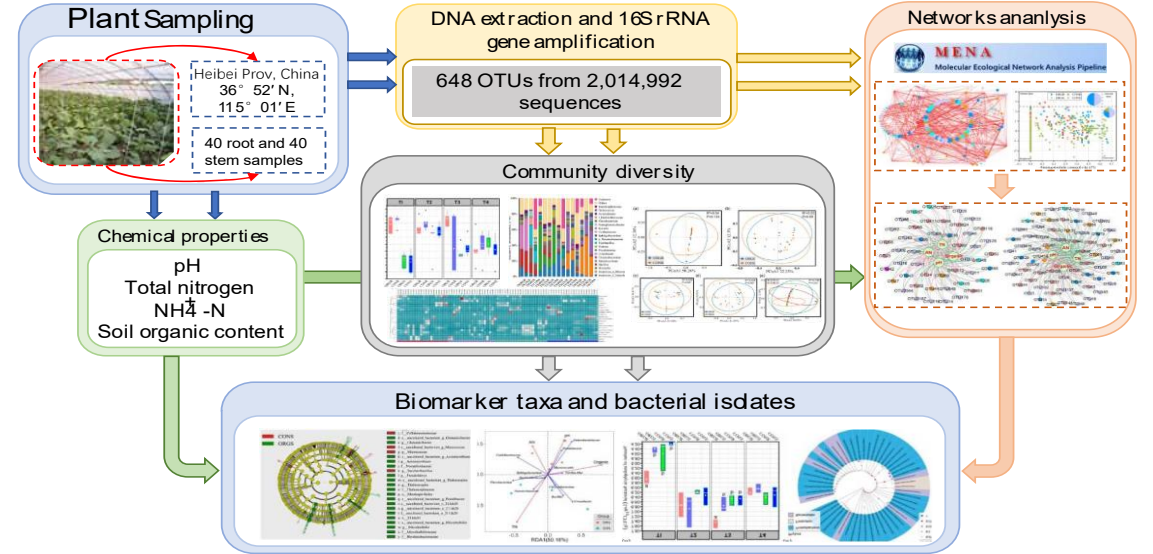
# 研究目标



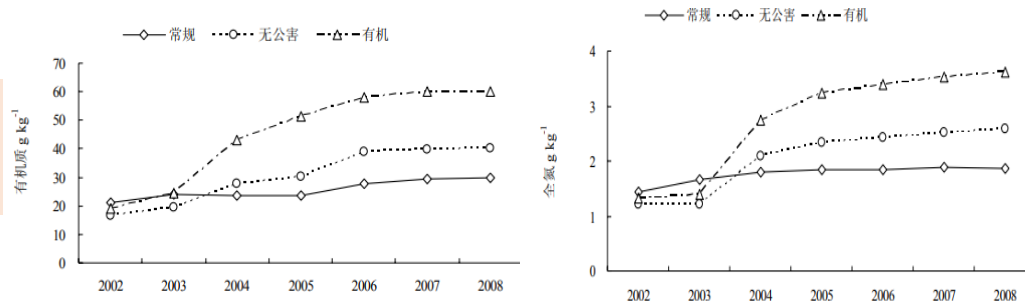
- ❖ 基于2002年至今的长期温室定位试验，评估宿主(隔间生态位)和环境因素(有机耕作或常规耕作) 交互影响番茄内生微生物群落组合和共生模式的作用机制。
- ❖ 分离出潜在的有益番茄微生物群落作为农业候选接种剂。
- ❖ 本研究有助于全面了解温室农业生态系统中番茄内生细菌的群落结构，为利用有益微生物群促进农业生产提供有益信息。



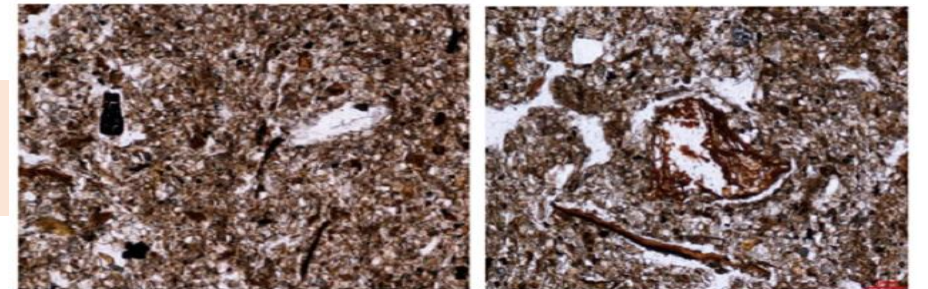
# 实验设计



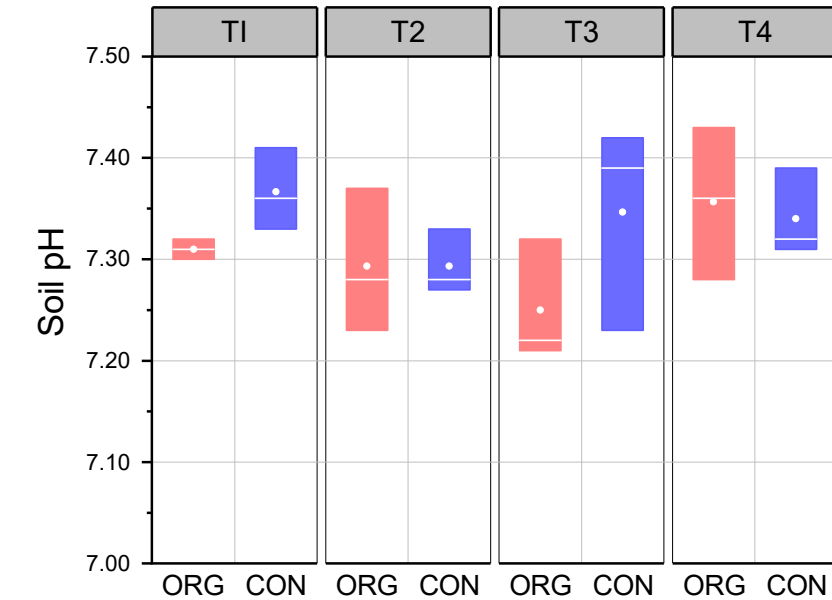
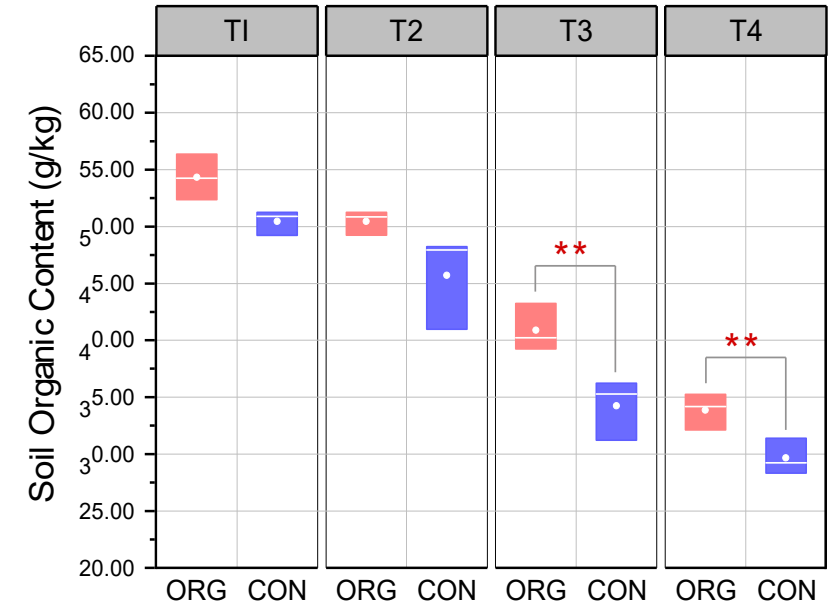
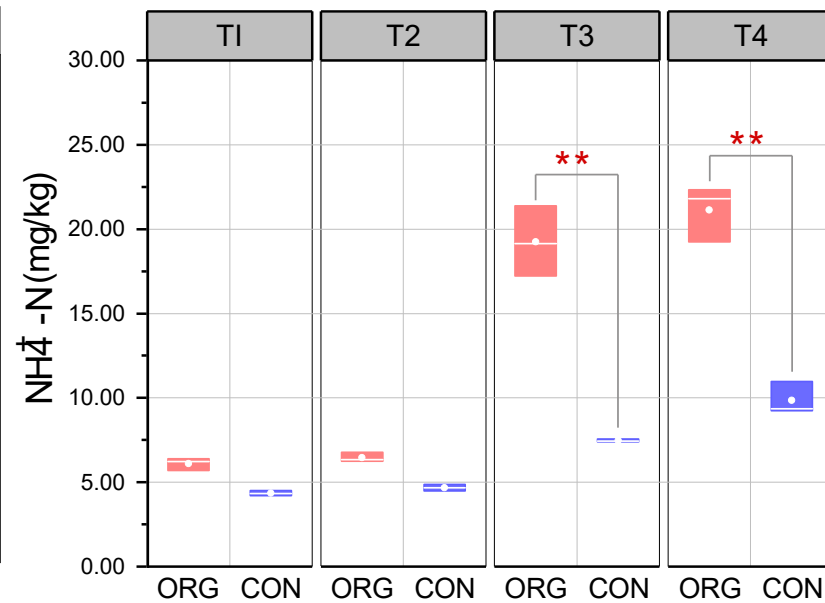
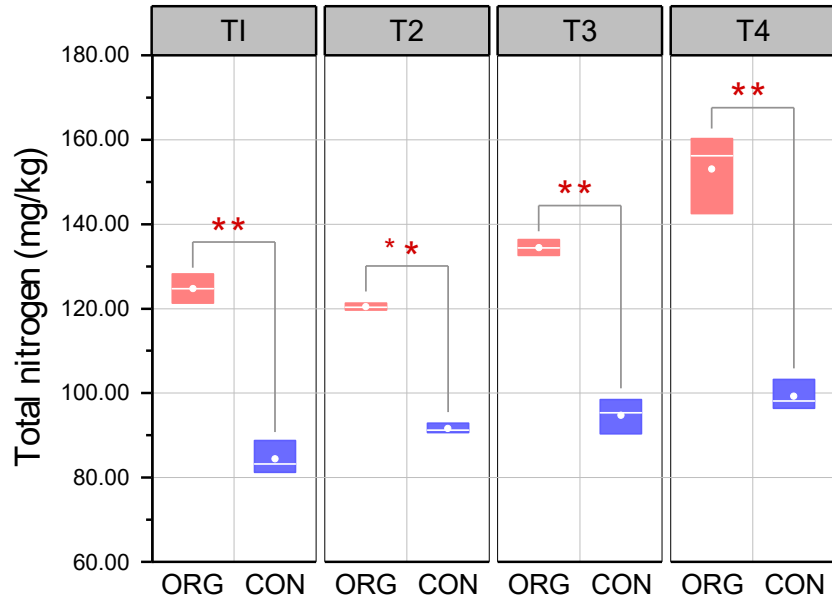
## 土壤养分动态变化



## 土壤微形态



# 土壤化学性质的动态变化



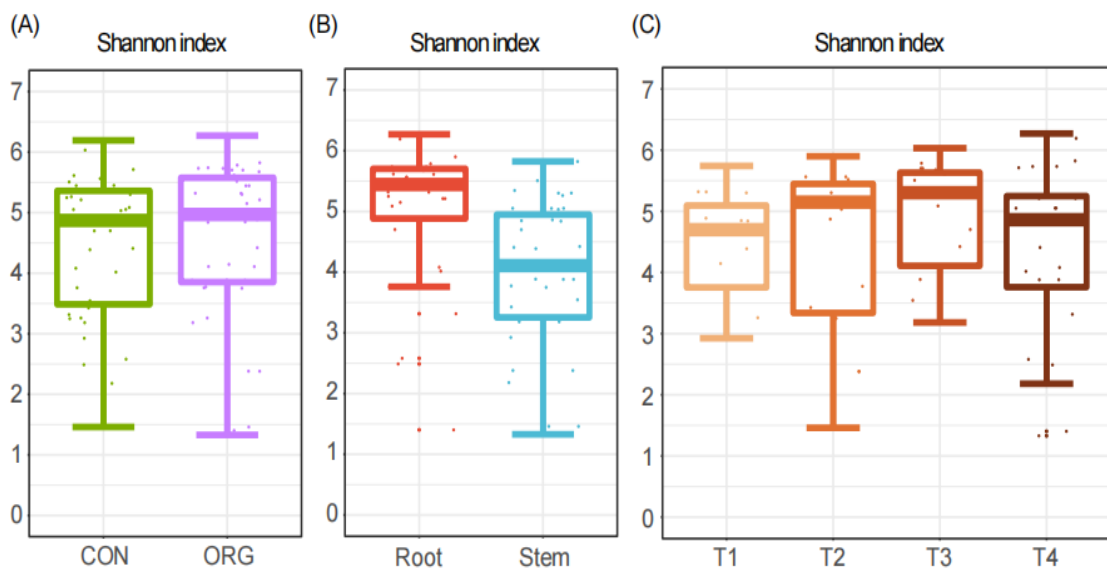
- TN含量随番茄生长而增加，且各生长阶段ORG处理（有机）均显著高于CON（常规）处理 (Student's *t*-test,  $P < 0.01$ ).
- $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 的变化趋势与TN相似，但仅在T3, T4阶段ORG与CON处理产生显著差异(Student's *t*-test,  $P < 0.01$ )。
- ORG处理中的土壤有机质含量均高于CON处理，同样仅在T3, T4阶段产生显著性差异(Student's *t*-test,  $P < 0.01$ )。
- 土壤pH在7.2~7.45范围内波动，均未出现显著差异。

# 不同生长阶段、不同种植模式中的微生物群落结构

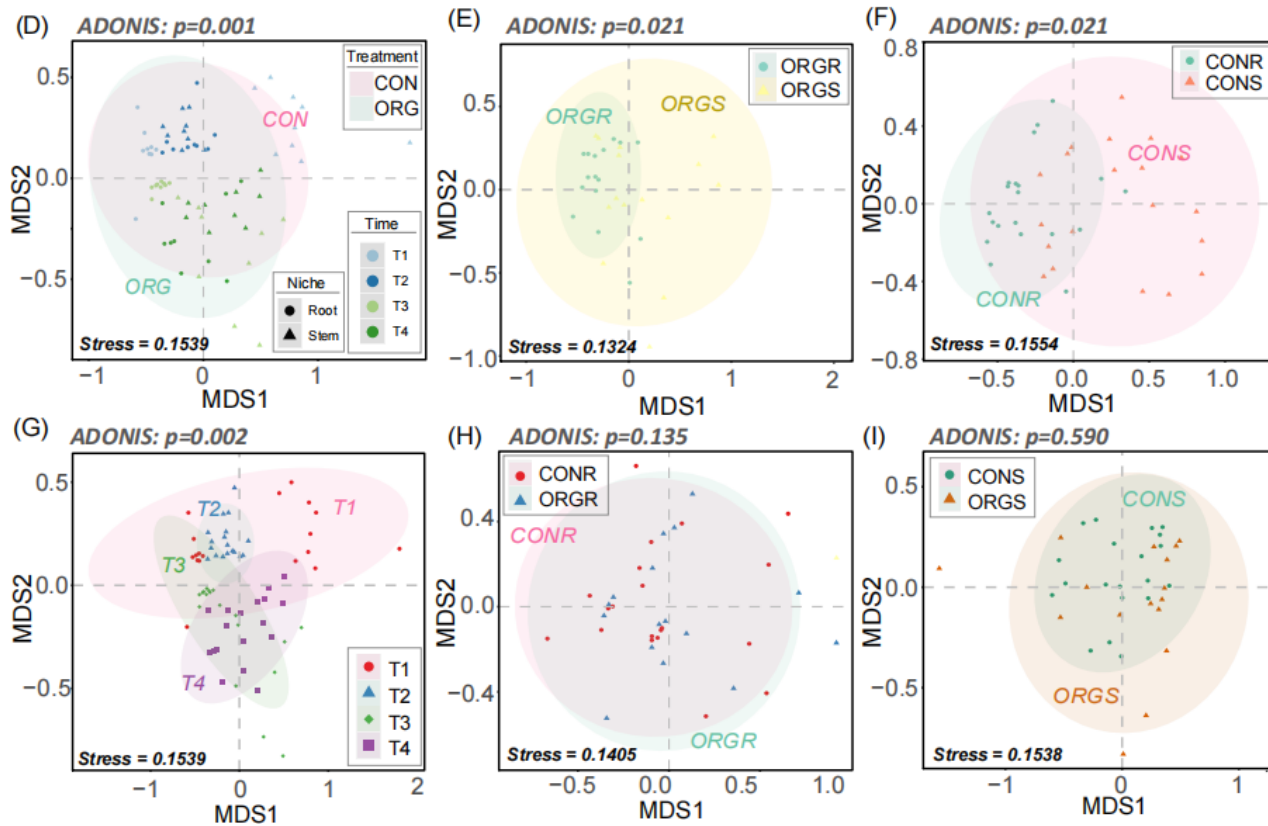


- *Proteobacteria* 是最主要的菌门( $40.63\% \pm 2.68$ ), 接下来是 *Firmicutes* ( $21.76\% \pm 1.66$ ), *Actinobacteria* ( $20.3\% \pm 3.62$ )和*Bacteroidetes* ( $8.7\% \pm 4.45$ )。
- 随番茄的生长, *Firmicutes*在根微生物群落中的丰度下降, *Proteobacteria*的丰度显著增加; 茎微生物群落也出现了类似现象, *Arthrobacter.sp*, *Rhizobium.sp* 的丰度逐渐增加, 而*Bacillus.sp*显著下降。

# 多样性指数差异

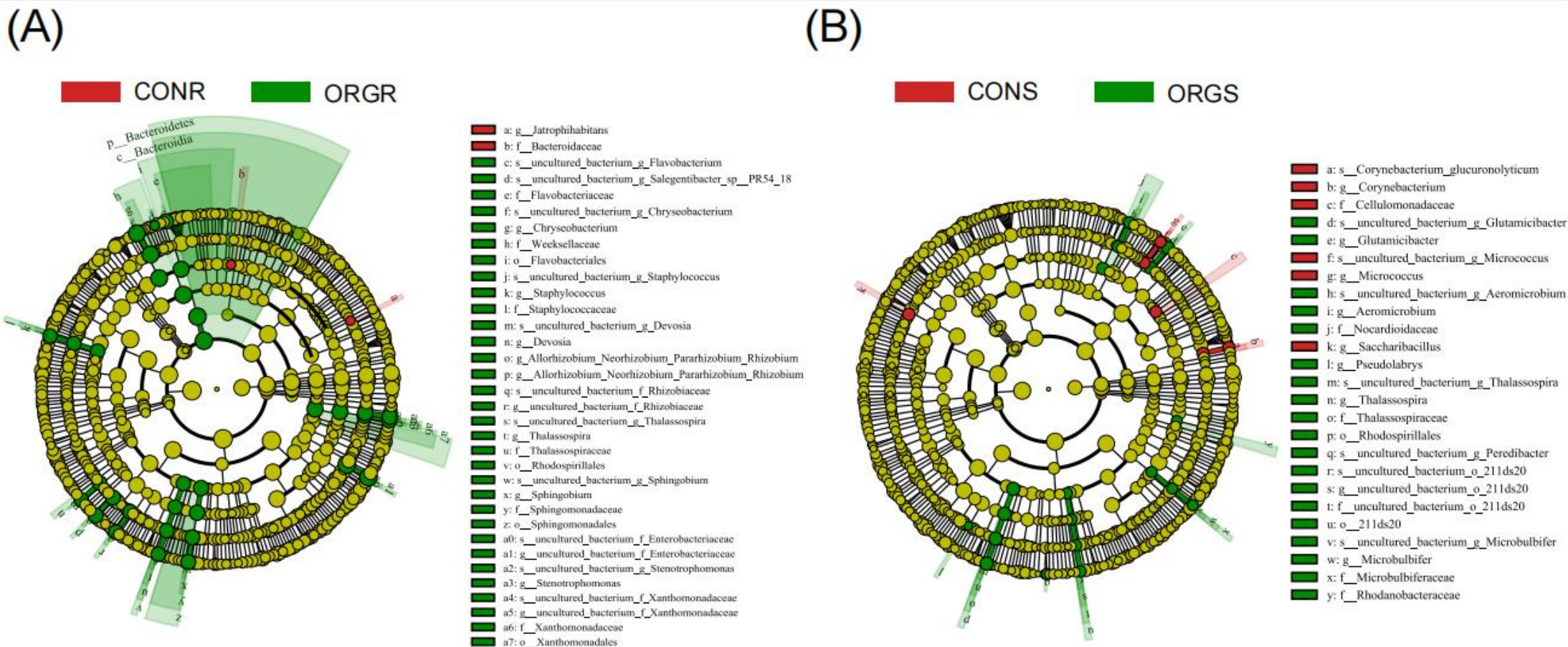


- ORG处理中微生物群落的Shannon指数高于CON，根中高于茎。
- 有机处理，生态位以及番茄关键生长阶段间微生物群落的Shannon指数均无显著差异。



- 生态位是温室微生物群落变异的主要原因，有机和常规温室中根、茎生态位中微生物群落均有显著差异。
- 微生物群落在个番茄生长阶段也产生了显著差异。(G)
- 有机处理并未对根部或茎部的微生物群落产生显著影响。(H/I)

# 内生细菌Biomarker

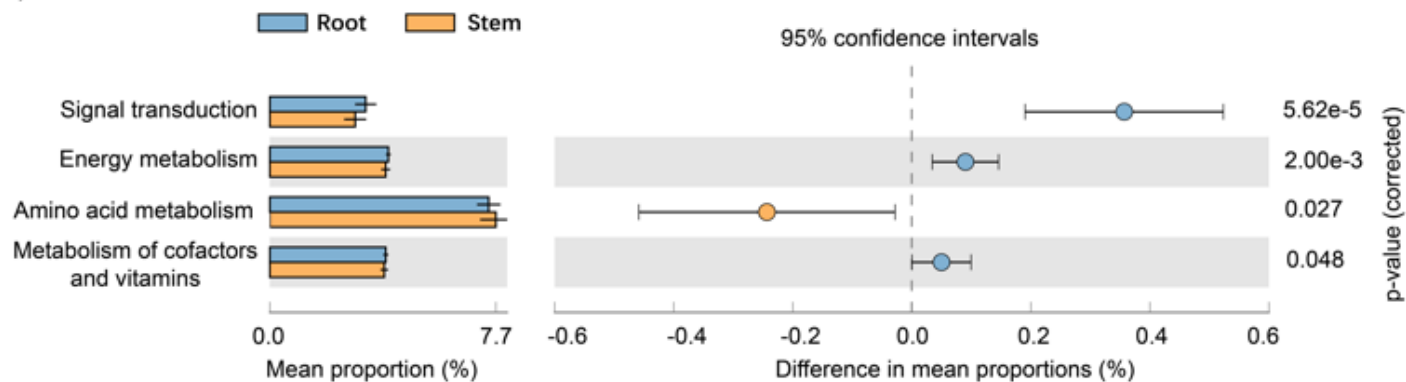


➤ 相较于CON处理，ORG处理根中显著富集了 *Flavobacterium*，*Sphingomonadales*，*Xanthomonadaceae* and *Rhizobium*。

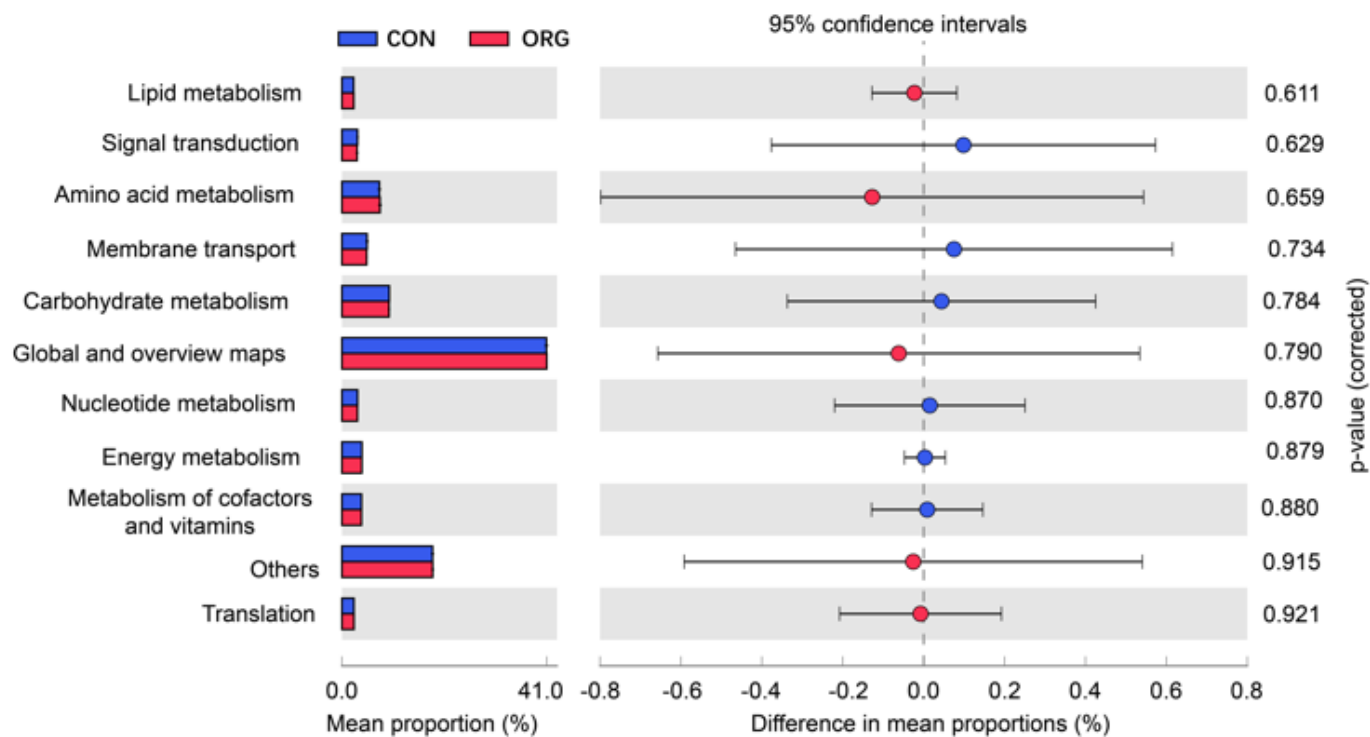
➤ 茎中 *Enterobacteriaceae* 在ORG处理中被显著富集，而 *Corynebacterium* 在CON处理中被显著富集。

# KEGG潜在功能预测

(C)

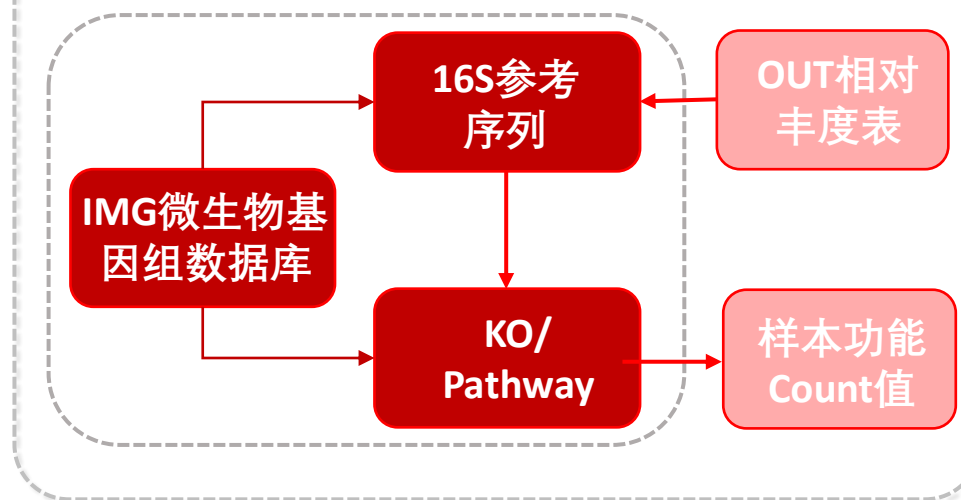


(D)

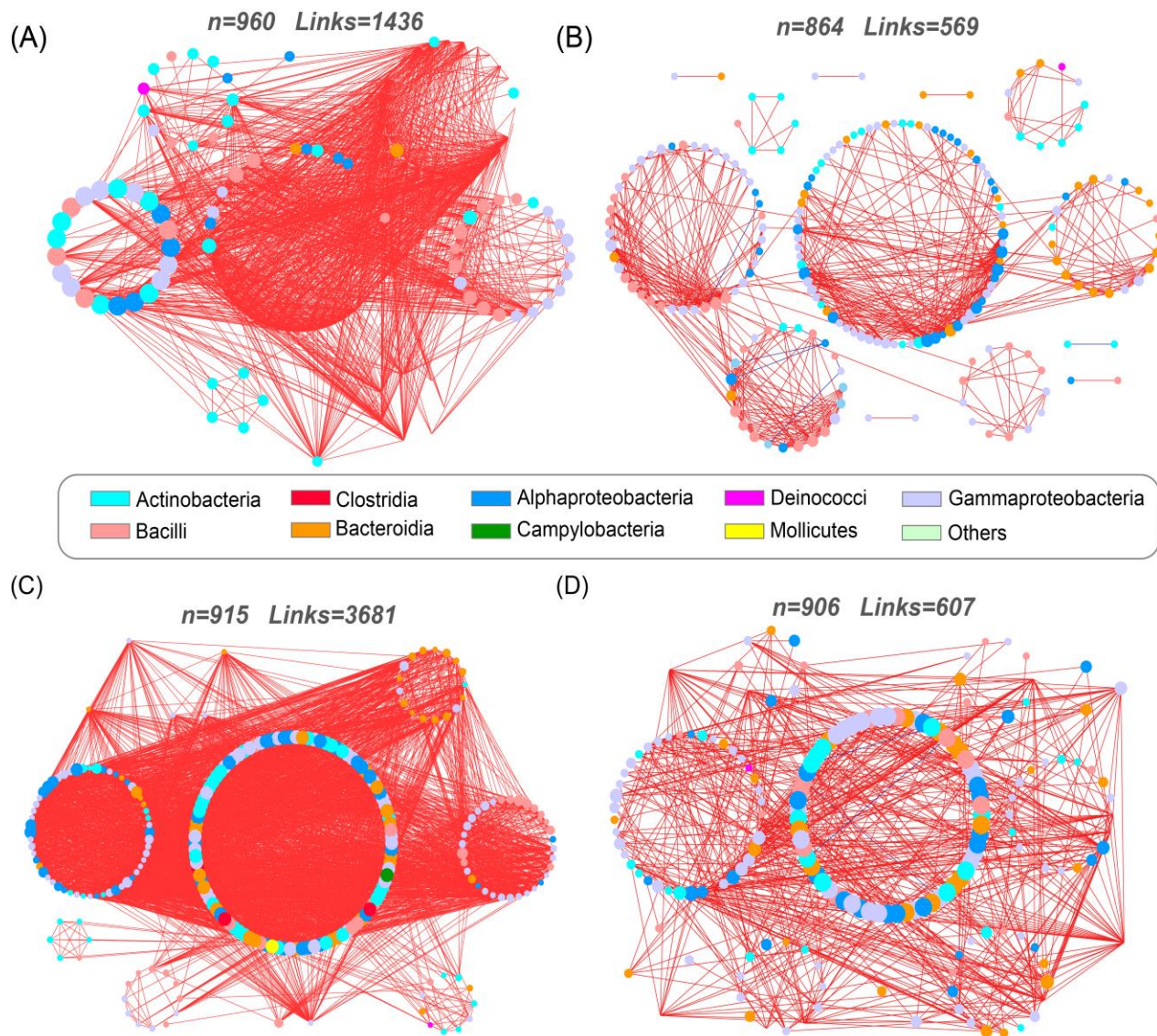


➤ Signal transduction (信号传导)、energy metabolism (能量代谢)、amino acid metabolism (氨基酸代谢) 和 metabolism of cofactors and vitamins (辅因子和维生素代谢) 被观测到在根和茎中具有显著差异, 且仅有氨基酸代谢在茎中的丰度高于根。

➤ CON处理和ORG处理中番茄微生物群落的潜在功能几乎没有差异。

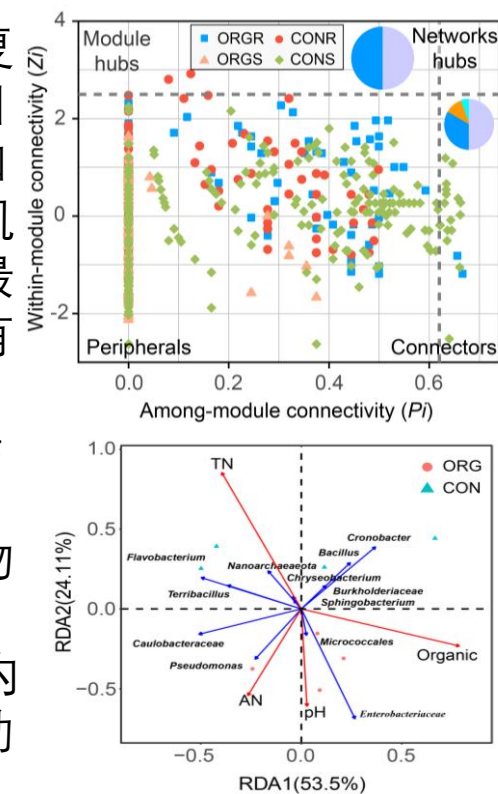


# 微生物分子生态网络

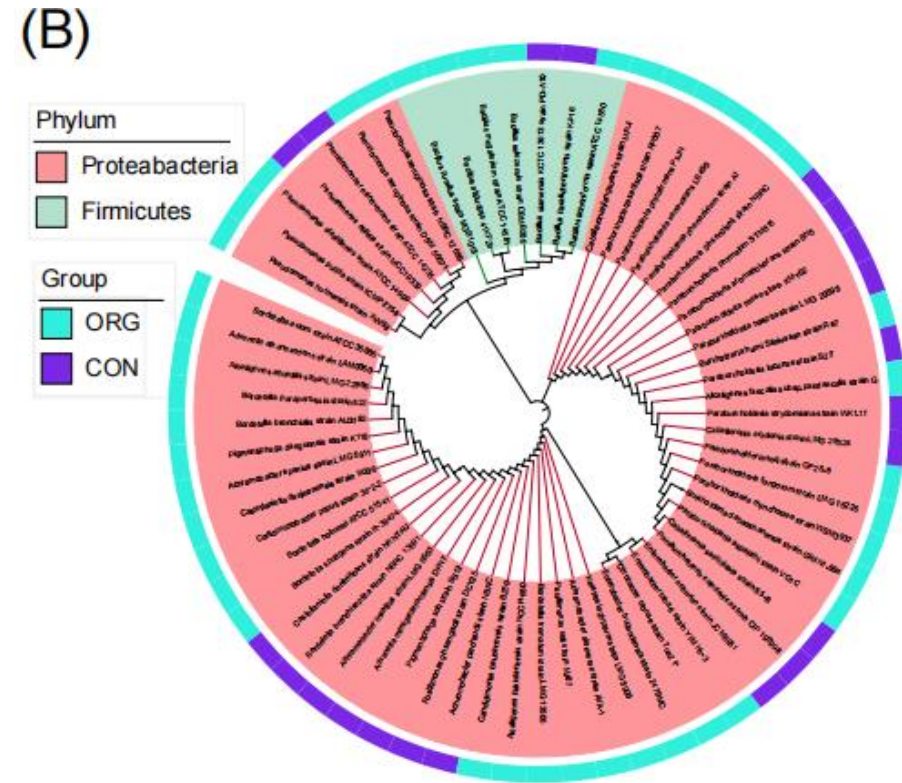
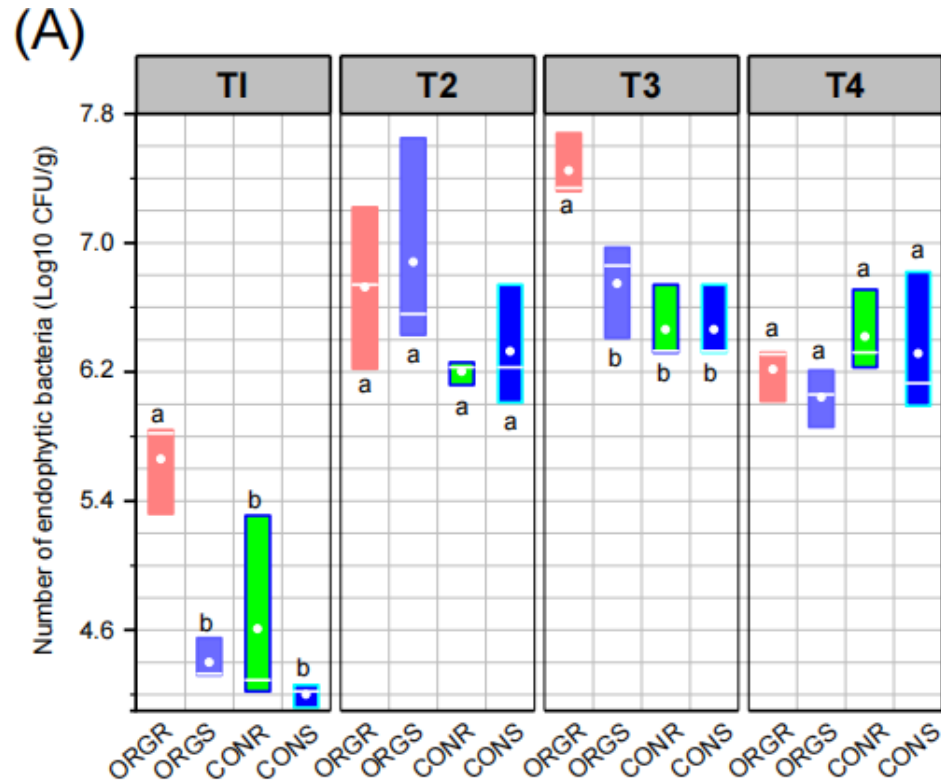


处理	节点数 (n)	边数 (L)	平均连接度	平均聚类系数	模块化指数
ORGR	915	3681	30.172	3.19	0.855
CONR	960	1436	19.415	4.99	0.911
ORGS	906	607	6.215	2.71	0.883
CONS	864	569	5.893	3.05	0.872

- 根相较于茎形成了更加复杂的微生物网络，ORG相较于CON处理形成了更加复杂的微生物网络，有机处理根部的微生物网络最为复杂。所有网络均具有“小世界”特征。
- *Proteobacteria*, *Bacteroidetes* 和 *Actinobacteria* 被视为该生态系统中的关键微生物类群。
- 土壤总氮 (TN) 是番茄内生菌群落变化的主要驱动因素。



# Cultural-dependent 分离培养



- 采用Cultural-dependent 法共分离得到663株细菌，经过16S序列比对并去除冗余后共得到60个不同属的细菌。
- CON处理和ORG处理中。番茄不同生长阶段内生菌数量在4.21~7.45 (log10 CFU/g. FW) 之间，ORG和CON处理对分离的内生菌数量没有显著差异，而根中比茎中分离得到更多的内生菌。
- *Bacteroidetes* 和 *Proteobacteria*是分离得到的主要菌门，其中*Bacillus*在有机温室中更加常见。

# 结论

- 有机农业模式对长期追踪下细菌群落变化的影响有限，而生态位差异是内生细菌群落变化的主要驱动力。
- 有机温室番茄细菌比传统温室番茄细菌具有更复杂的共现网络，根细菌比茎细菌具有更复杂的共现网络。
- 分离培养发现变形菌门和厚壁菌门是番茄内生菌中的优势门，而芽孢杆菌在有机温室中含量更高。

Zeyu Zhang, Yang Sean Xiao, Yabin Zhan, Zengqiang Zhang, Youzhou Liu, *et al.* 2022. Tomato microbiome under long-term organic and conventional farming. *iMeta* e48.  
<https://doi.org/10.1002/imt2.48>



“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2月正式创刊发行!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://onlinelibrary.wiley.com/journal/2770596x>



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



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)



[iMeta](#)

