

真菌稳定高寒林线生态系统 中的多界生物群

杨腾, Leho Tedersoo, 柳旭, 高贵锋,
董科, Jonathan M. Adams, 褚海燕*

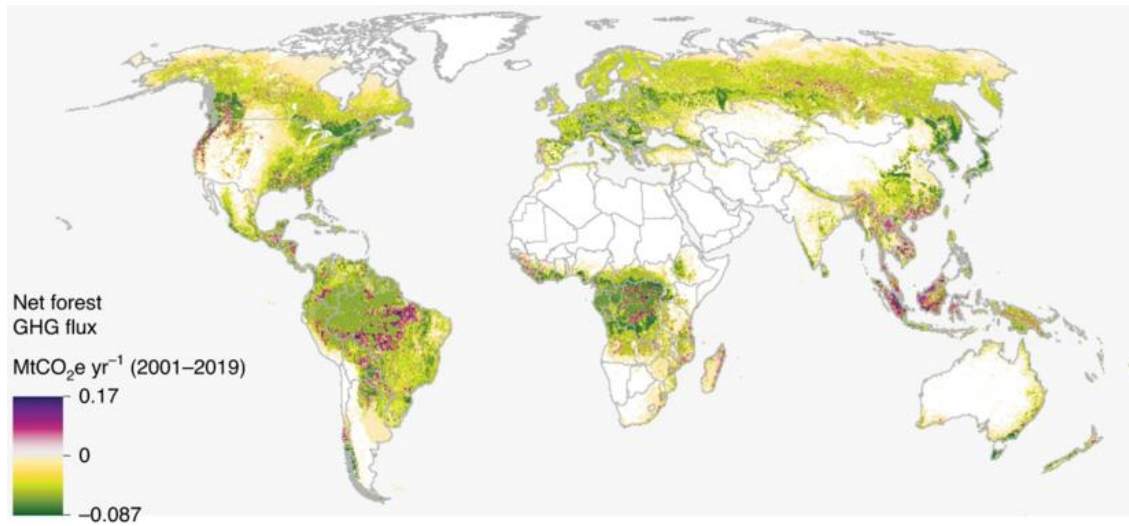
中国科学院南京土壤研究所
中国科学院大学
爱沙尼亚塔尔图大学
韩国京畿大学
南京大学



Teng Yang, Leho Tedersoo, Xu Liu, Gui-Feng Gao, Ke Dong, Jonathan M. Adams, Haiyan Chu. 2022. Fungi stabilize multi-kingdom community in a high elevation timberline ecosystem. *iMeta*: e49. <https://doi.org/10.1002/imt2.49>

背景

Global maps of twenty-first century forest carbon fluxes



Harris et al. 2021

火干扰



干旱



砍伐



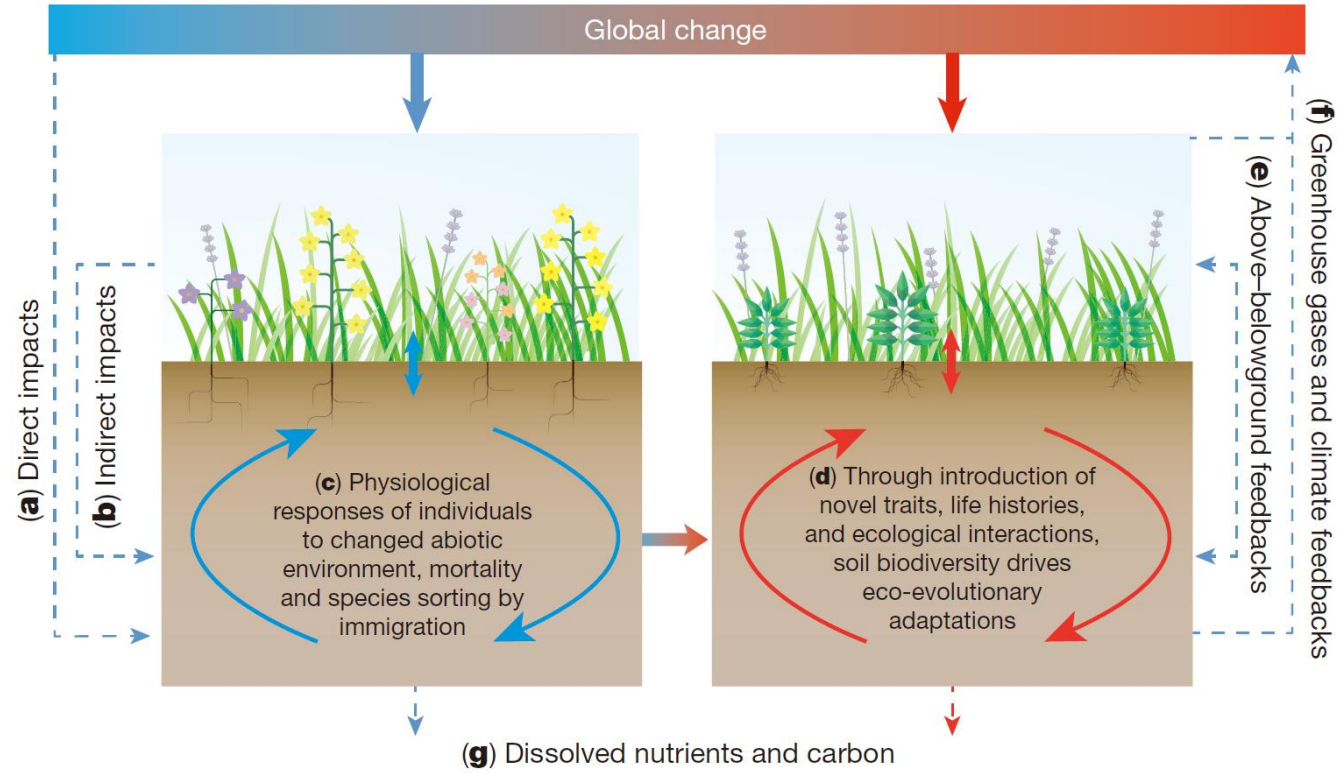
病虫害



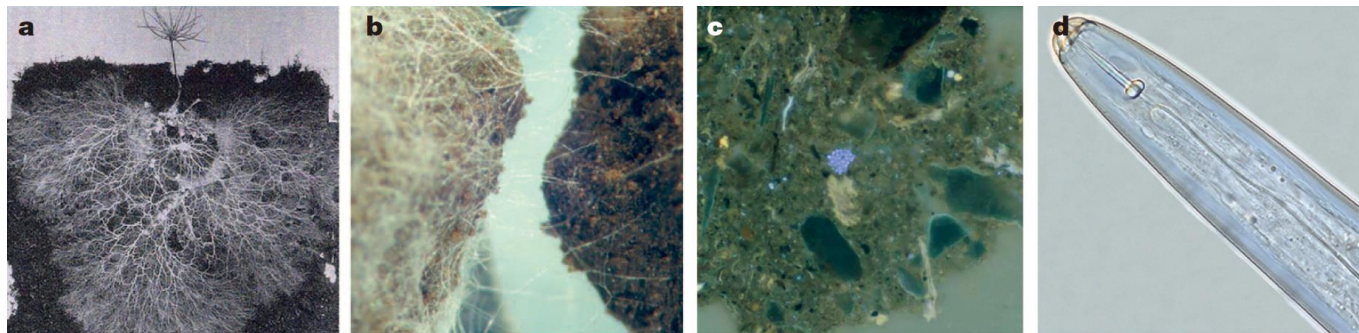
Millar et al. 2015

背景

- 塑造地上生物多样性
- 驱动生物地球化学过程
- 响应与反馈气候变化



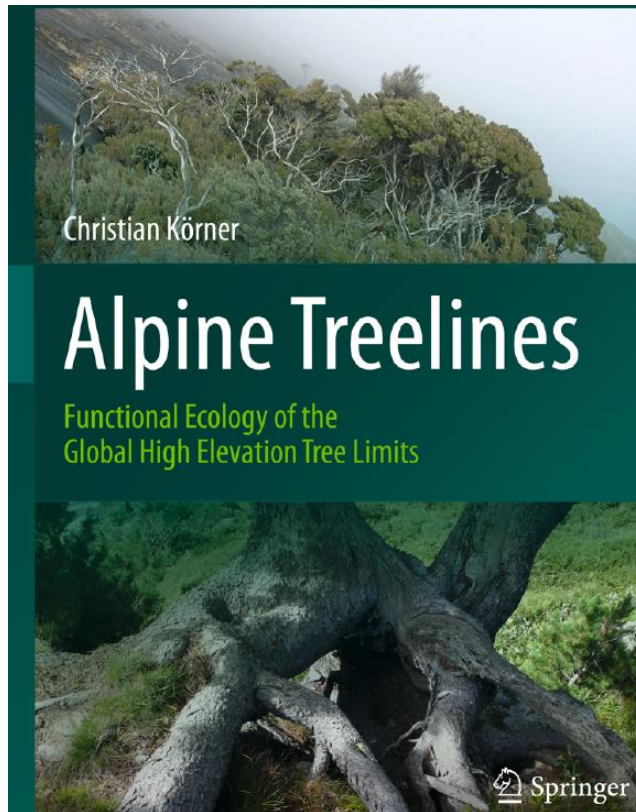
- 土壤生物多样性



背景

高寒林线：从密闭森林向高山苔原/草地过渡带

高寒林线对气候变化和人类活动高度敏感

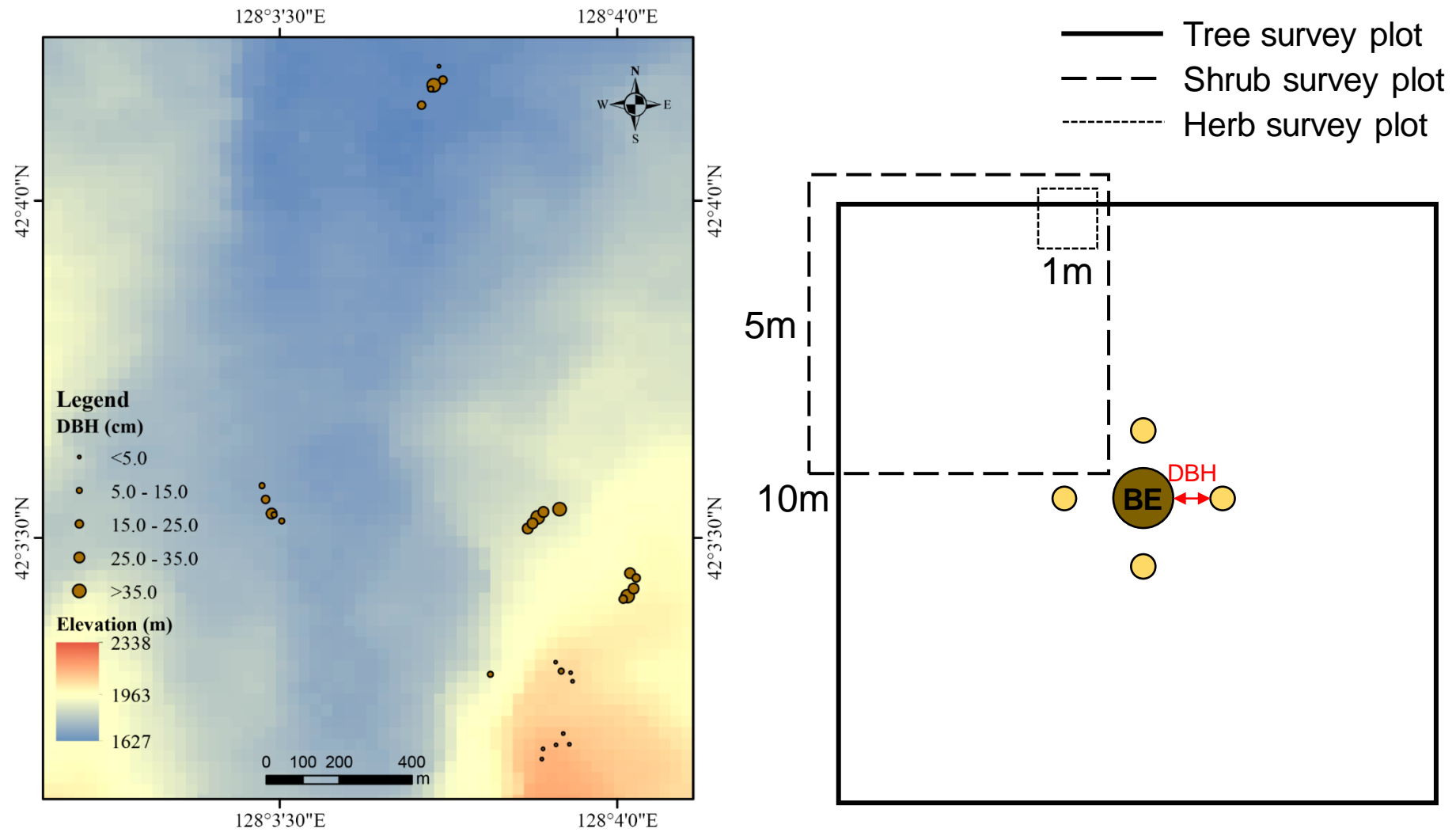


'The high elevation treeline will be understood, once the functional difference between trees and alpine shrubs is.'



Switzerland, 2012

实验设计



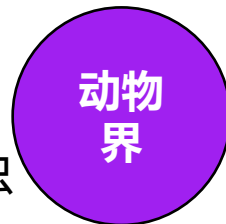
样品采集位于吉林省长白山自然保护区核心区，沿海拔采集岳桦根围土壤样品（30份），并以岳桦树木为中心开展植被调查。

实验设计

样方调查



- ⇒ 草本
- ⇒ 灌木
- ⇒ 乔木



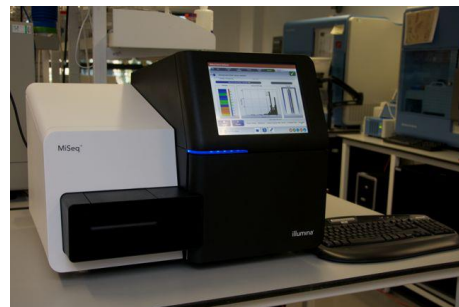
QIIME2

SPIEC-EASI扩展法

多界生物网络

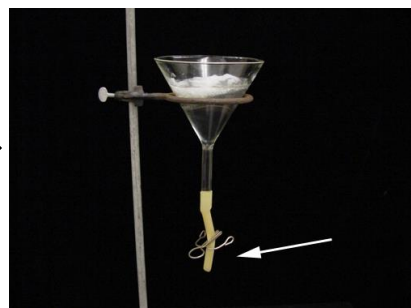


土壤DNA测序



- ⇒ 细菌
- ⇒ 古菌
- ⇒ 真菌 (ITS+18S-AMF)

富集培养+测序



⇒ 线虫

下游分析

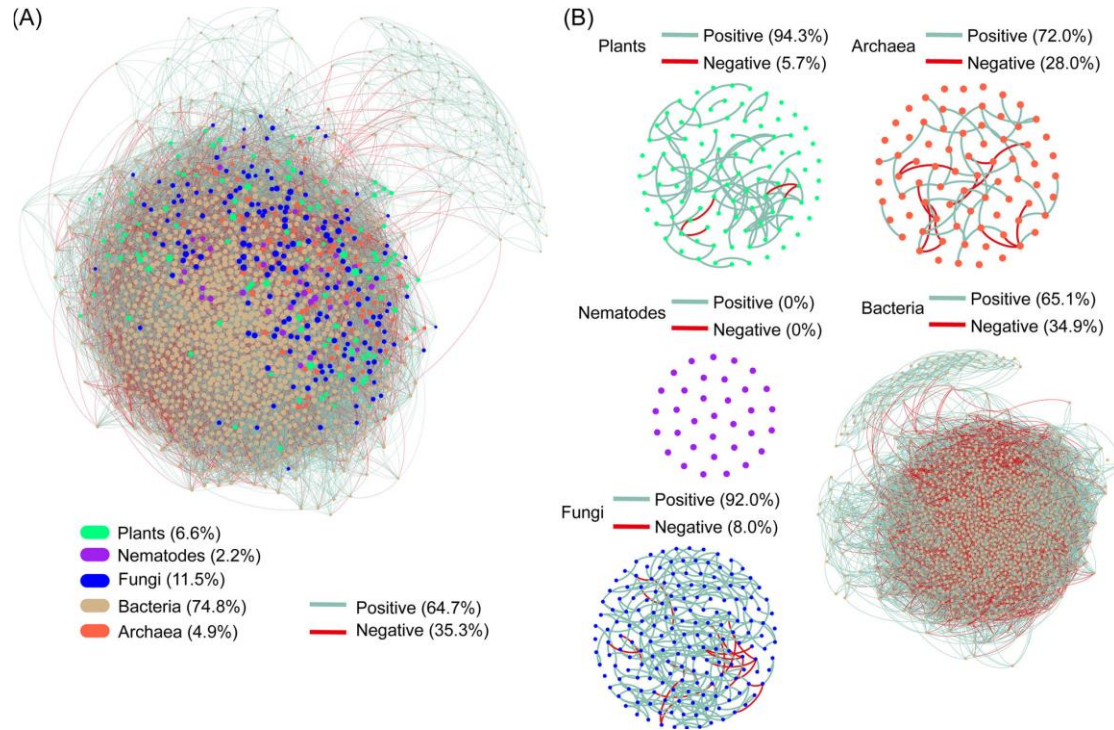


科学假说

- 相比单界网络，多界网络将显著增加网络复杂度和负边比例，这是因为营养级复杂度提高，种间竞争加剧。
- 考虑林线体系真菌生物量和菌根/菌丝网络的优势度，真菌类群将对多界网络的稳定和连接起关键作用。
- 在群落水平，真菌群落将位于多界生物群落的中心，即，真菌群落既受植物和其他土壤生物群落调节，又显著影响植物和其他土壤生物群落。

结果1

多界和单界网络的比较 (1)



网络拓扑参数的比较

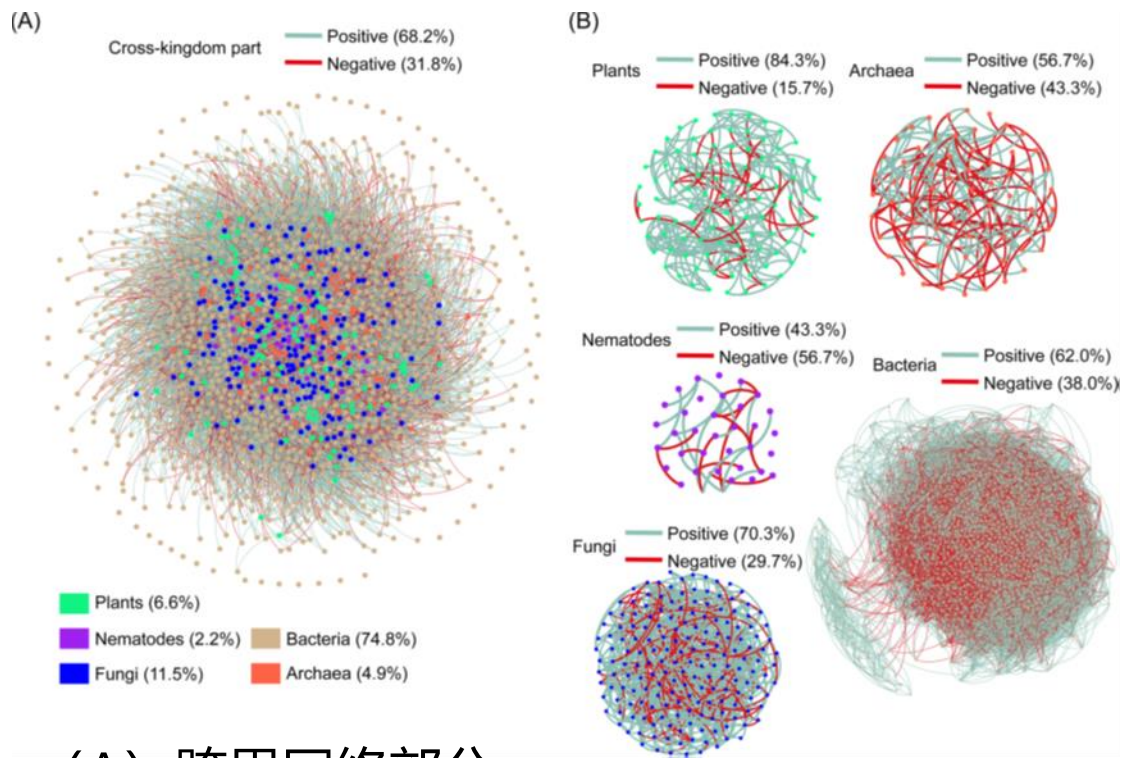
	Node Number	Edge Number	Mean connectivity	Modularity	Average path length
Multi-kingdom	1550	28032	36.2	0.182	2.51
Plants	102	88	1.7	0.840	2.46
Nematodes	34	0	0	NA	NA
Fungi	178	286	3.2	0.695	5.81
Bacteria	1160	15824	27.3	0.208	2.67
Archaea	76	50	1.3	0.847	2.46

(A) 多界网络
(B) 单界网络

结果1

多界和单界网络的比较 (2)

网络拓扑参数的比较

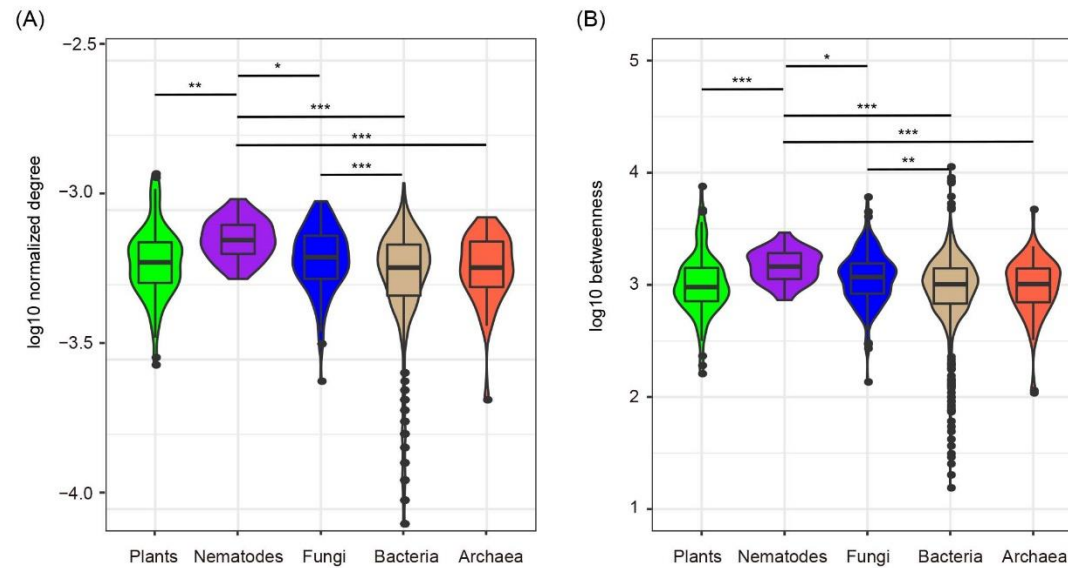


(A) 跨界网络部分
(B) 界内网络部分

Network type	Node Number	Edge Number	Mean connectivity	Modularity	Average path length
Single-kingdom networks					
Plants	102	88	1.7	0.840	2.46
Nematodes	34	0	0	0	0
Fungi	178	286	3.2	0.695	5.81
Bacteria	1160	15824	27.3	0.208	2.67
Archaea	76	50	1.3	0.847	2.46
Within-kingdom subsets of multi-kingdom network					
Plants	102	262	5.1	0.615	3.62
Nematodes	34	30	1.8	0.595	3.57
Fungi	178	771	8.7	0.355	2.69
Bacteria	1160	16010	27.6	0.212	2.63
Archaea	76	187	4.9	0.436	2.98

结果2

真菌和其他生物界类群在多界网络中的作用 (1)



真菌的度和中介性显著高于细菌

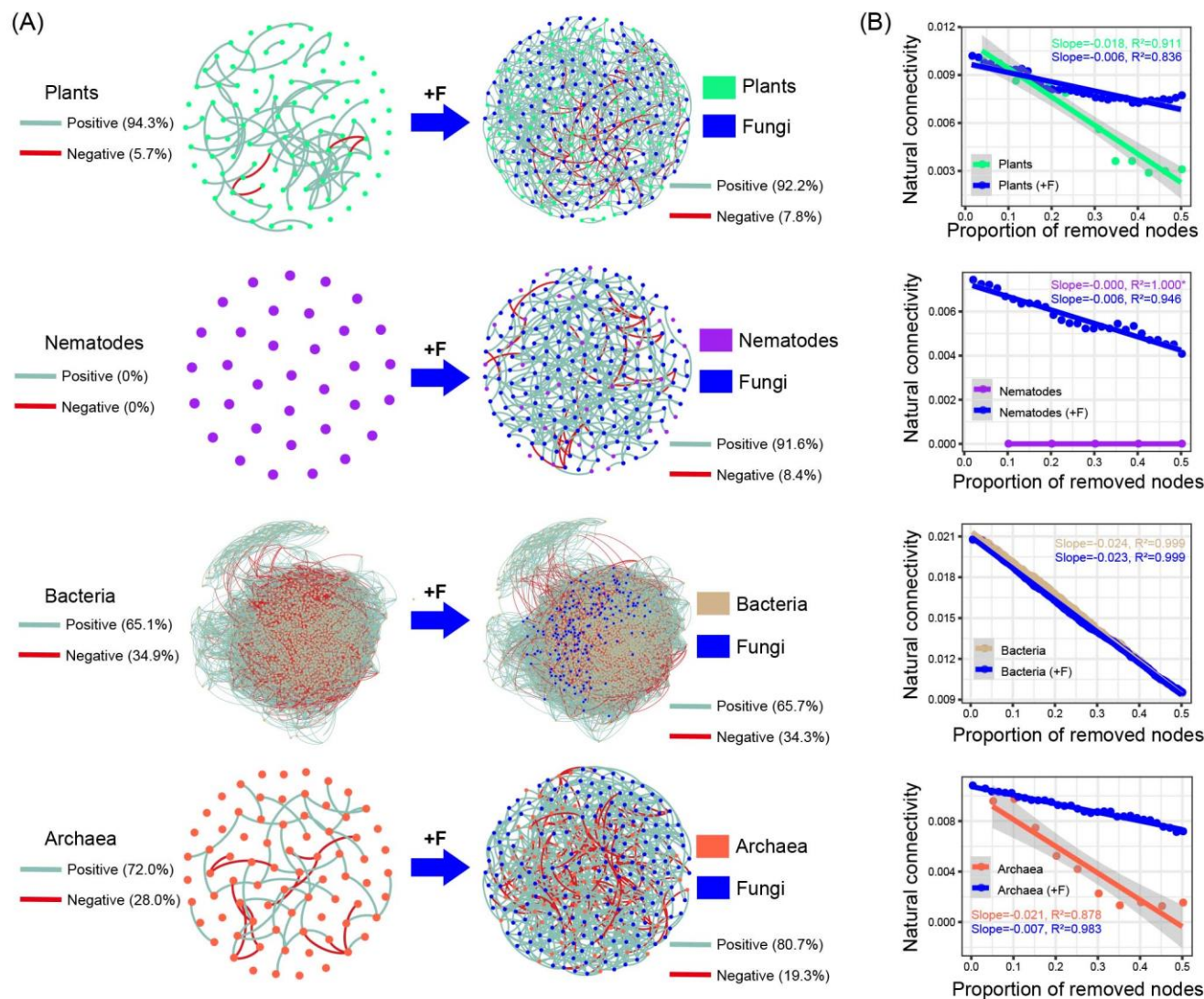
度：某一物种与其他物种的连接数，代表连通性；

中介性：某一物种扮演‘中介’的次数，代表桥梁，纽带作用。

结果2

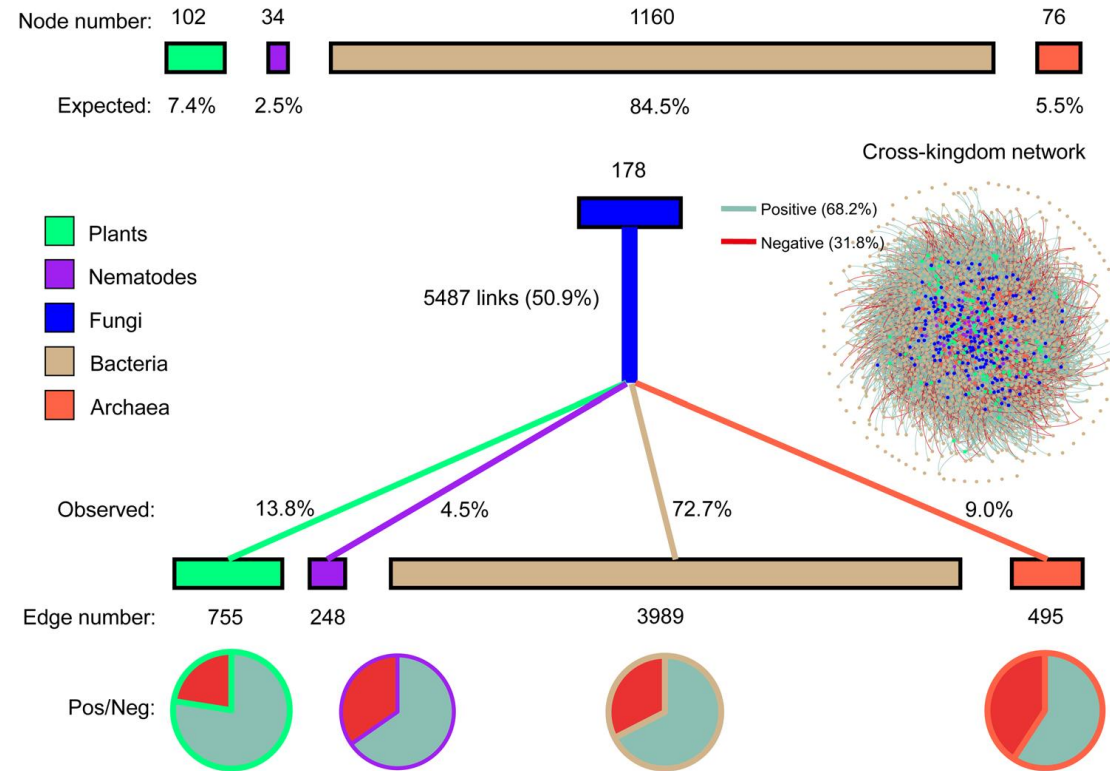
真菌和其他生物界类群在多界网络中的作用 (2)

添加真菌网络显著提高了植物及其他土壤群落的网络稳定性



结果2

真菌和其他生物界类群在多界网络中的作用 (3)



相比随机连接方式，真菌更倾向与植物和古菌形成连接

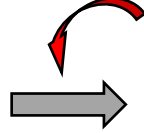
结果3

真菌和其他生物界类群在群落水平的联系 (1)

矩阵多元回归模型

Nematodes R ² =0.201, P=0.001		
Variables	Coefficient	P
pH	0.047	0.001

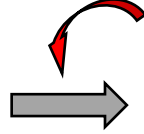
Add biotic interaction



Nematodes R ² =0.265, P=0.001		
Variables	Coefficient	P
pH	0.034	0.004
Fungal community	0.030	0.001

Fungi R ² =0.598, P=0.001		
Variables	Coefficient	P
Tree richness	0.011	0.005
ForestD	0.011	0.034
RMn	0.008	0.029
SM	0.014	0.001
pH	0.015	0.002
Conductivity	0.015	0.004
Plant community	0.023	0.001

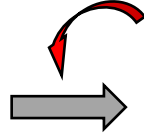
Add biotic interaction



Fungi R ² =0.605, P=0.001		
Variables	Coefficient	P
SM	0.013	0.003
pH	0.014	0.004
Conductivity	0.015	0.002
Plant community	0.027	0.001
Nematode community	0.008	0.017
Archaeal community	0.012	0.002

Archaea R ² =0.332, P=0.001		
Variables	Coefficient	P
Tree richness	0.038	0.001
DBH	0.018	0.014
Conductivity	0.027	0.004
Soil total Al	0.015	0.021
Soil total Fe	0.033	0.001

Add biotic interaction

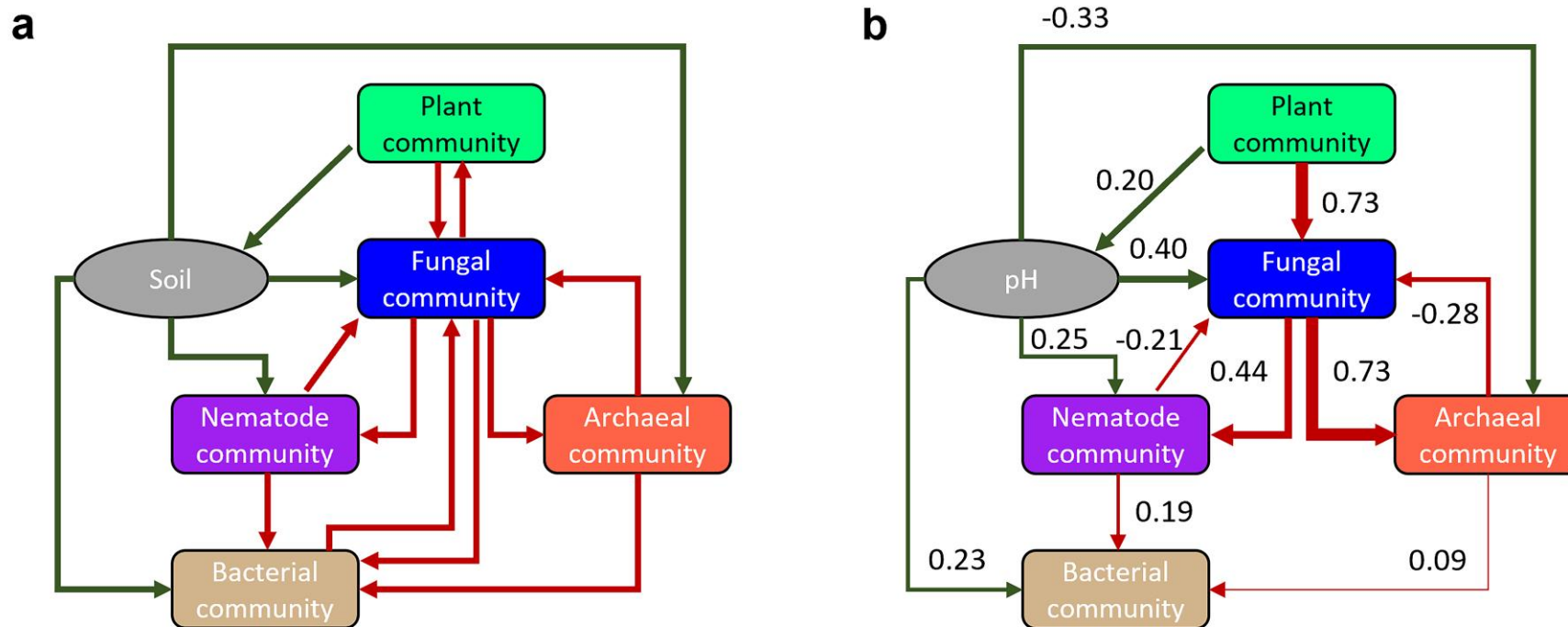


Archaea R ² =0.334, P=0.001		
Variables	Coefficient	P
Tree richness	0.029	0.001
DBH	0.019	0.001
Conductivity	0.016	0.009
Soil total Al	0.016	0.001
Soil total Fe	0.027	0.001
Fungal community	0.030	0.001

结果3

真菌和其他生物界类群在群落水平的联系 (2)

结构方程模型



a 先验模型
b 最佳模型

Expected 1: Plants → Soil → Soil biota
Expected 2: Plants ↔ Fungi ↔ Soil biota (excluding fungi)

Chi-square=0.519, Df=3, $P=0.915$
AGFI=0.997, RMSEA<0.001, AIC=36.519

总结

- 1) 相比单界网络，多界网络显著增加了网络复杂度和负边比例。特别是真菌的添加显著提高了植物、线虫、古菌的网络稳定性，形成了高连通和低模块的网络（像胶水把网络粘连一体）。
- 2) 在群落水平，真菌群落位于多界生物群落的中心。真菌群落既受植物、线虫和古菌群落影响，又显著影响线虫和古菌群落（像桥梁连接地上地下群落）。

Teng Yang, Leho Tedersoo, Xu Liu, Gui-Feng Gao, Ke Dong, Jonathan M. Adams, Haiyan Chu. 2022. Fungi stabilize multi-kingdom community in a high elevation timberline ecosystem. *iMeta*: e49.

<https://doi.org/10.1002/imt2.49>



“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



[iMeta](#)

