



含生物合成基因簇物种通过增强生态凝聚力来驱动微生物群落的热稳定性

班世博^{1,2,3}，何冰浩¹，宋阳⁴，安新丽⁵，徐岩¹，吴群^{1*}，时玉^{5*}

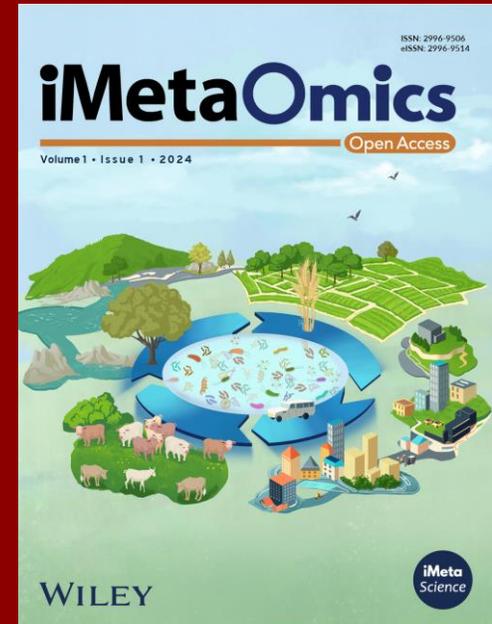
¹江南大学生物工程学院

²贵州茅台酒股份有限公司

³贵州省发酵工业微生物资源开发重点实验室

⁴荷兰乌得勒支大学生物学系环境生物学研究所

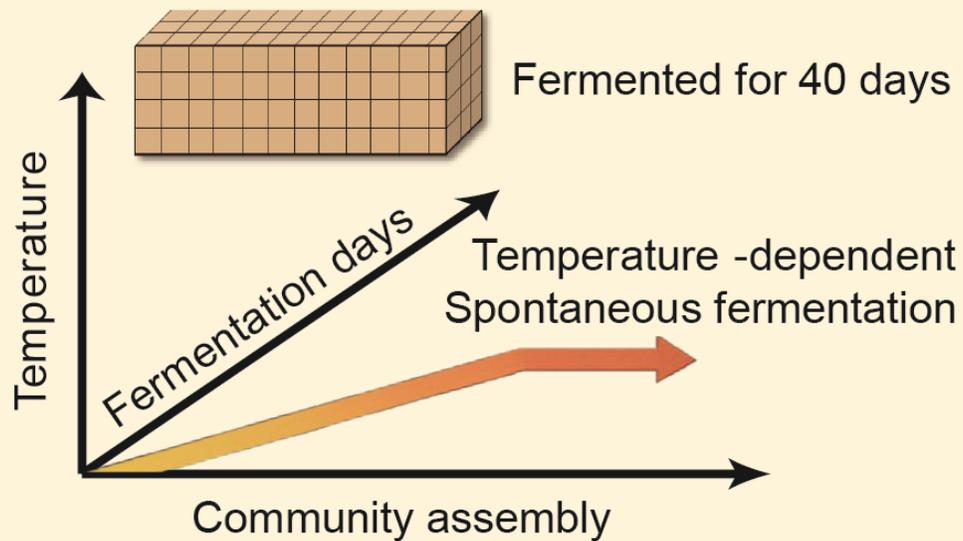
⁵河南大学作物逆境适应与改良国家重点实验室



Shibo Ban, Binghao He, Yang Song, Xinli An, Yan Xu, Qun Wu, Yu Shi. 2026. Biosynthesis gene cluster-containing species drive microbial community stability under thermal stress through enhanced ecological cohesion.

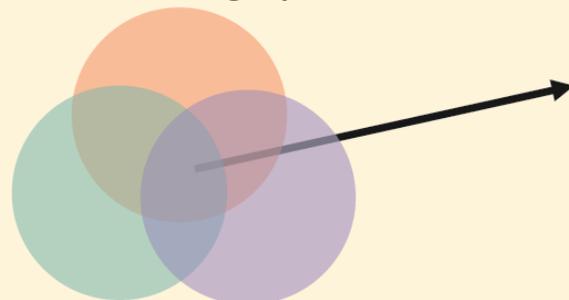
iMetaOmics 3: e70082. <https://doi.org/10.1002/imo2.70082>

简介

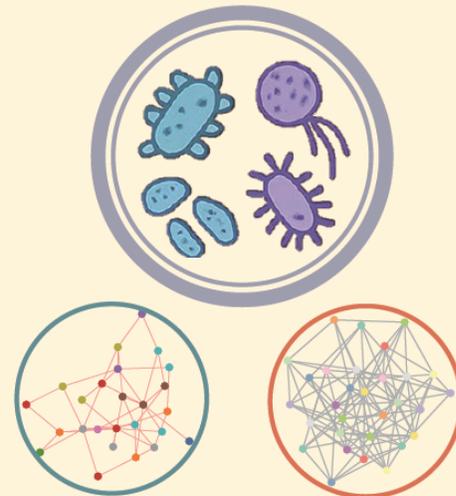


① iCAMP 系统发育分箱分析揭示：高温大曲自然发酵升温过程，组装过程呈现阶段性转换

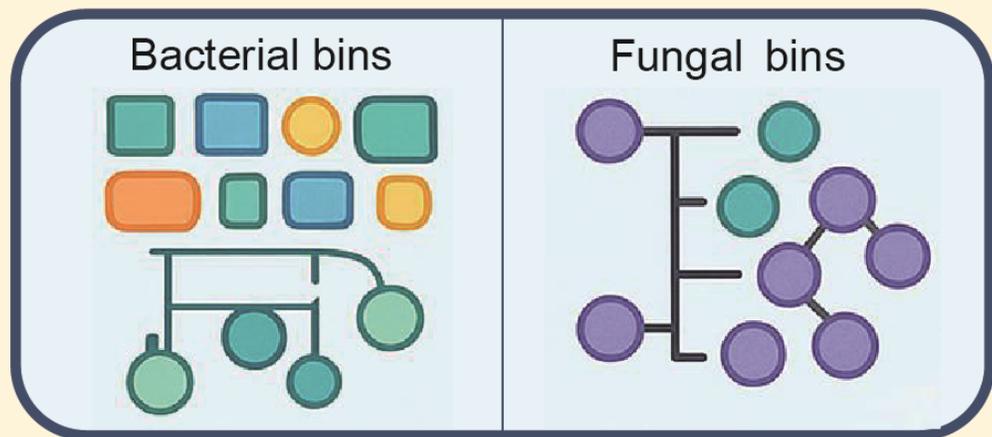
BGC-containing species



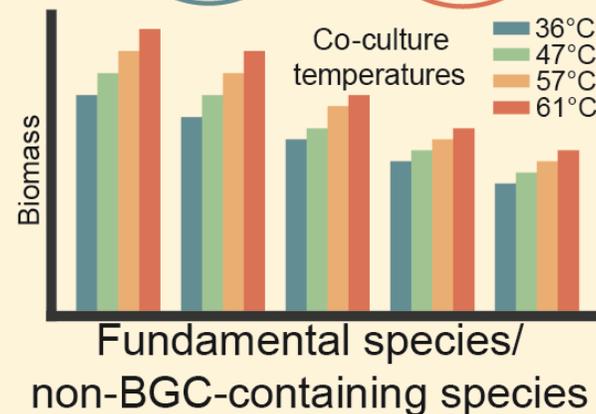
Fundamental species



② 含 BGC 物种展现出更高的生态凝聚力，其在耐热条件下的网络稳定性相关

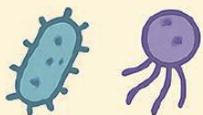


Co-culture experiments



④ 含 BGC 物种在不同温度与接种比例下显著提升群落生物量，支持其升温阶段的功能重要性

③ 移除含 BGC 物种显著降低网络鲁棒性并下调崩塌阈值



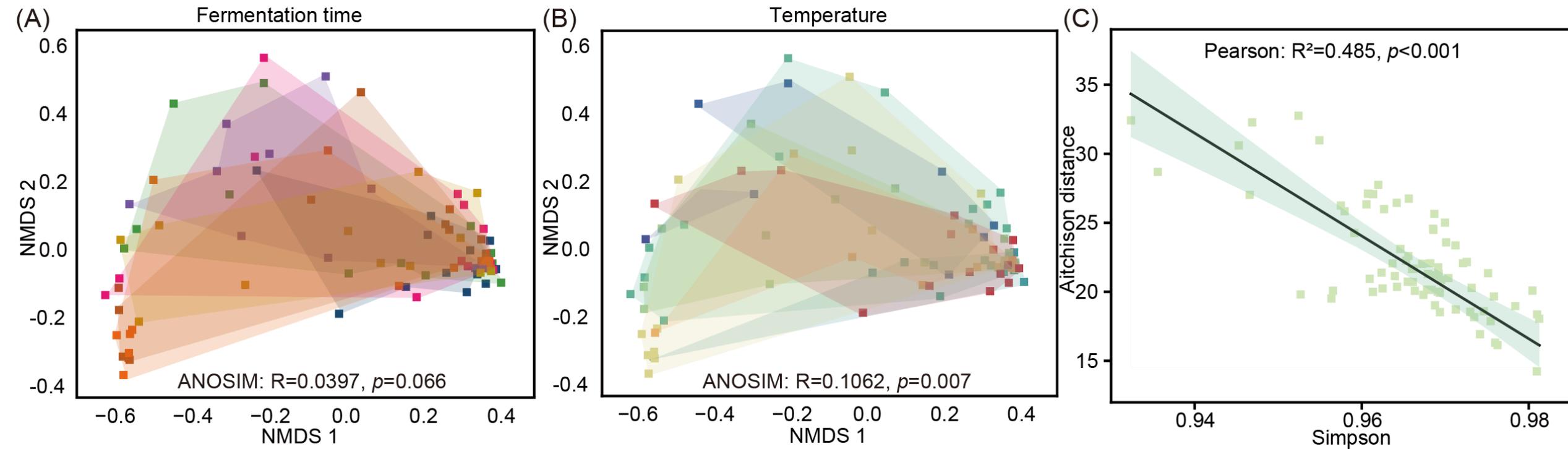
BGC-containing species



non-BGC-containing species

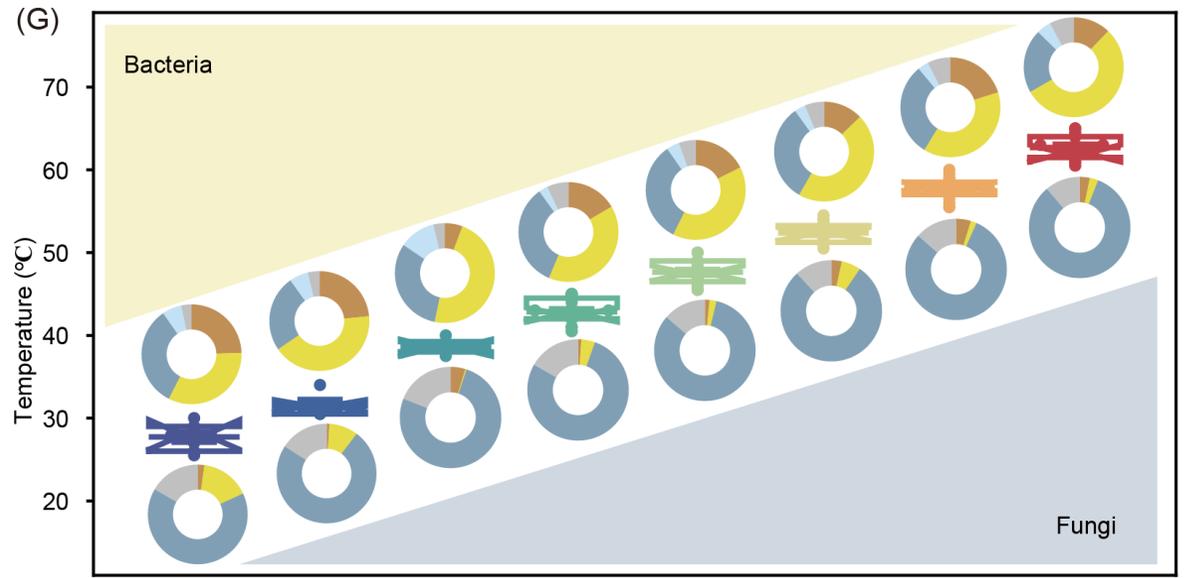
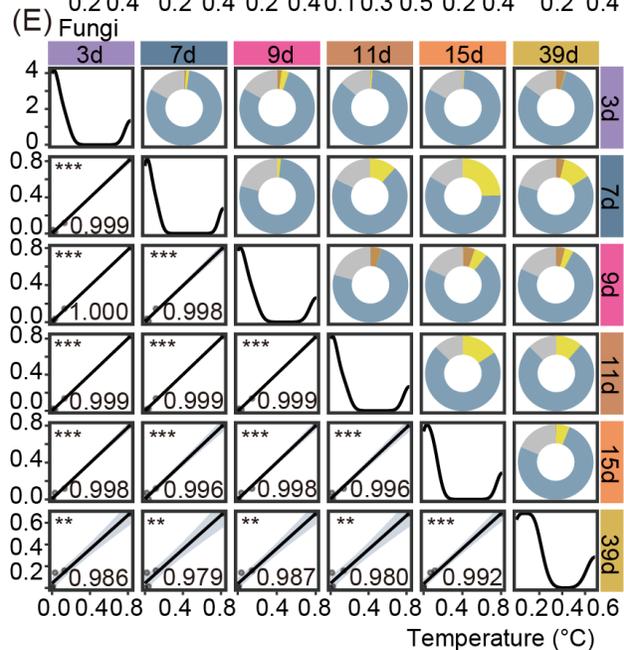
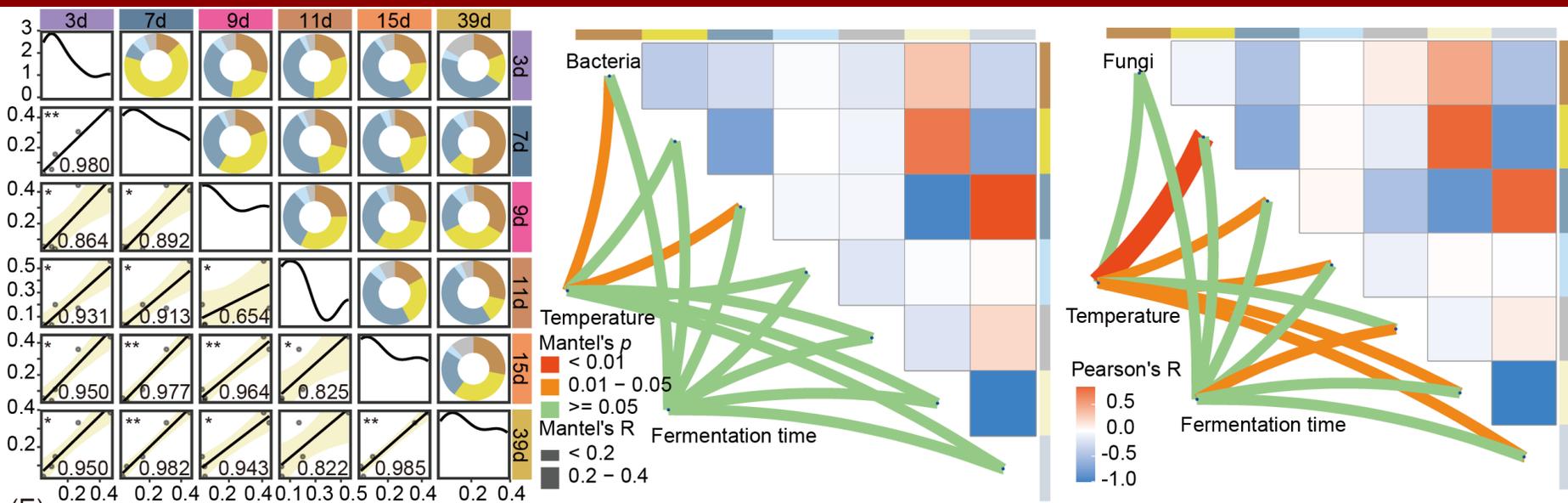
BGC-containing species enhance community stability under high-temperature conditions

时间和温度对微生物群落组装的影响

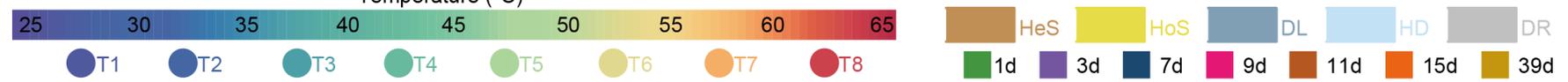


- **温度**而非时间主导大曲发酵过程中微生物群落结构与多样性的变化。
- 群落的Aitchison距离与Simpson指数呈负相关，即，随着 α 多样性下降，群落间 β 差异增大，即在**胁迫条件**下群落发生分化并沿不同组装路径重构。

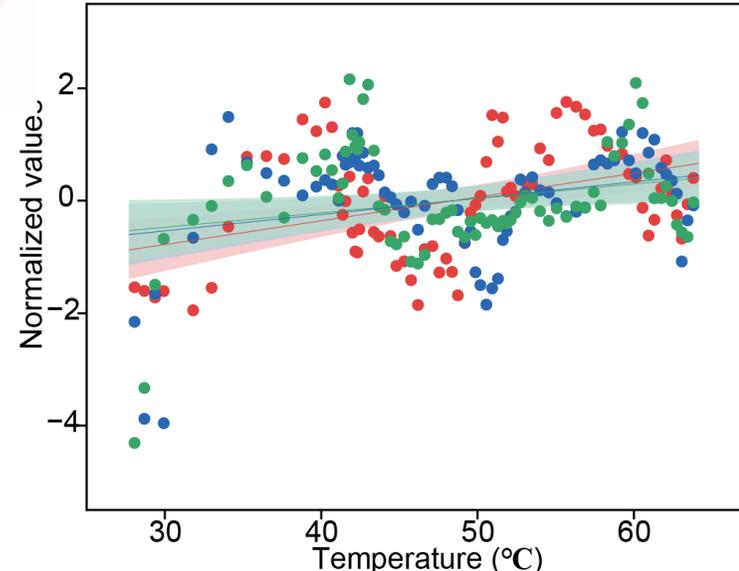
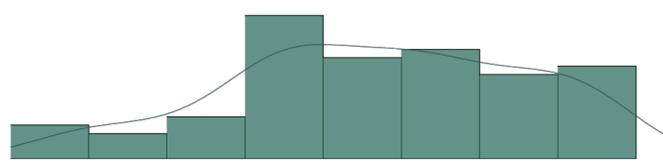
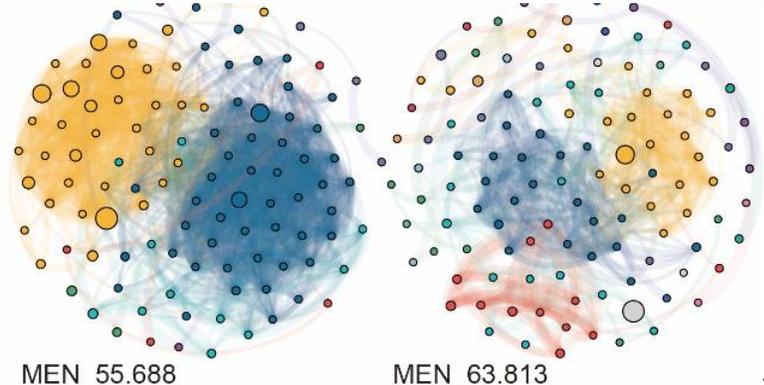
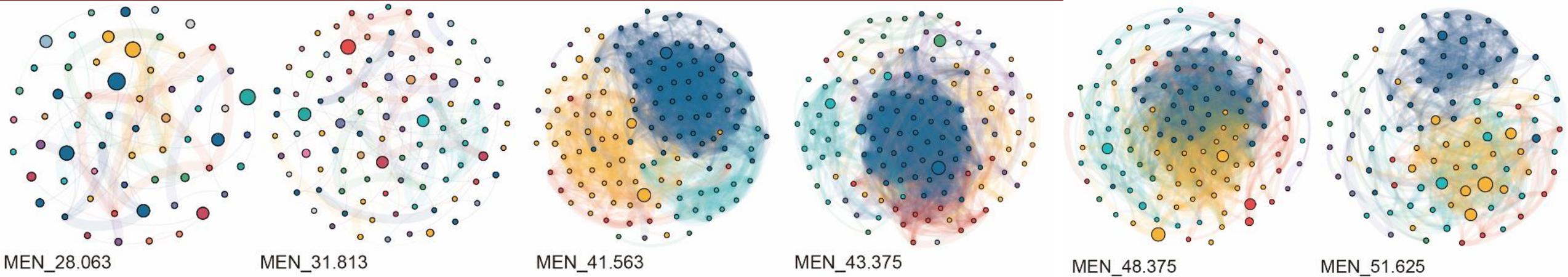
时间和温度对微生物群落组装的影响



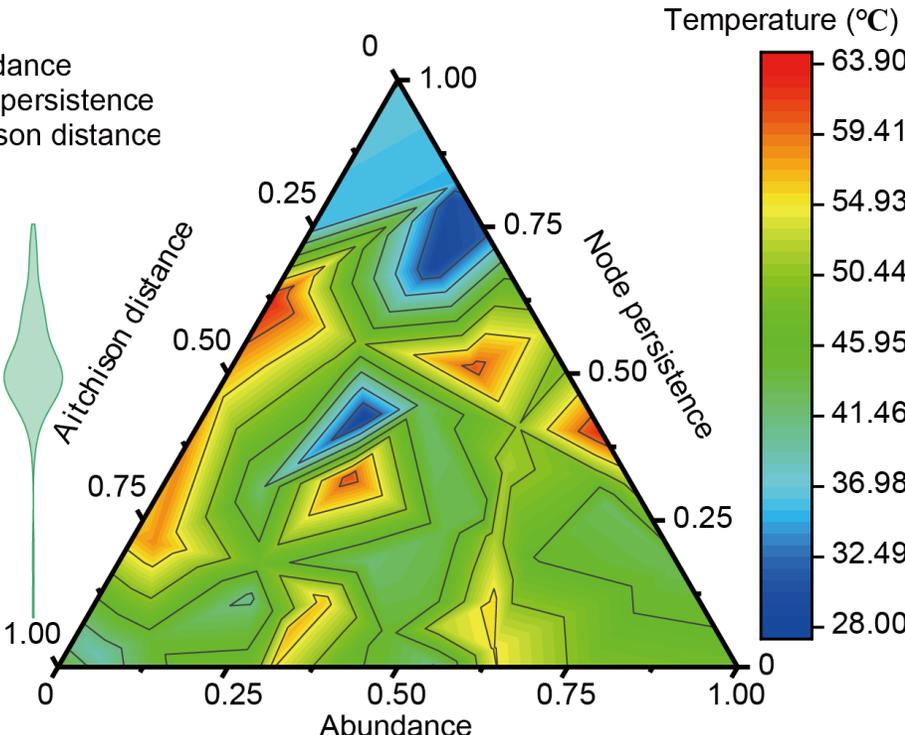
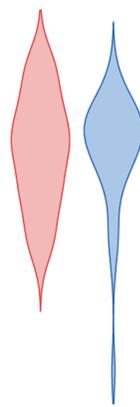
- 在发酵过程中，群落结构与 α 多样性在不同温度间差异显著而随时间变化不显著，且偏Mantel分析进一步证实**温度与组装过程显著相关、时间与酸度相关性不显著**，说明**温度是主导因子**。
- iCAMP显示**组装机制随温度阶段性重分配**：细菌以确定性过程为主，真菌主要受扩散限制（高温阶段伴随漂变）驱动。



高温条件下微生物群落与系统发育群的变化

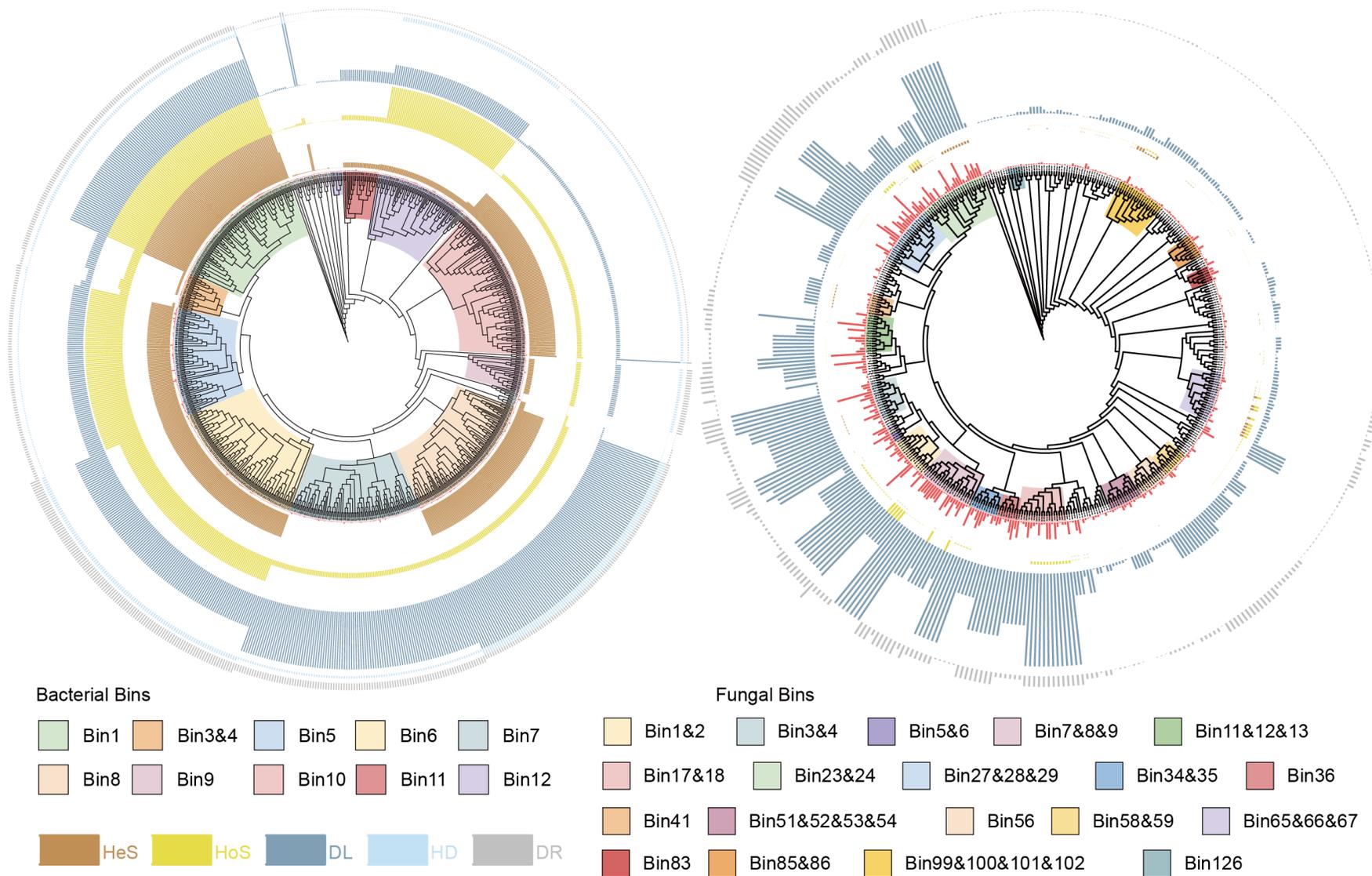


- Abundance
- Node persistence
- Aitchison distance



按温度重排序构建76个分子生态网络：物种数与总丰度基本稳定，但**高温使群落差异增大并改变网络稳定性特征**

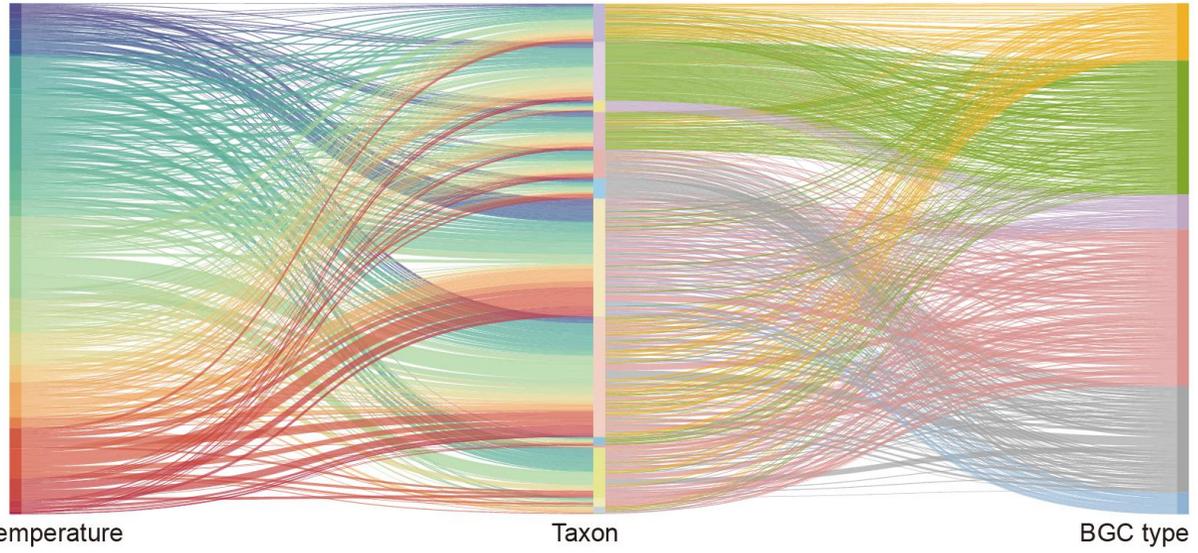
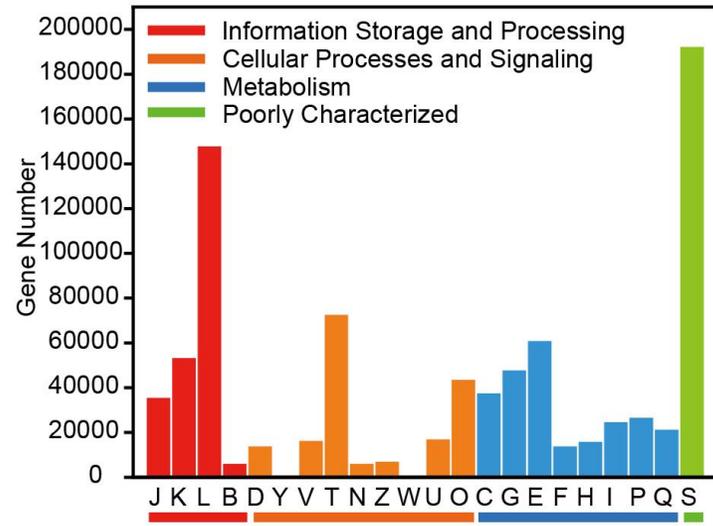
高温条件下微生物群落与系统发育群的变化



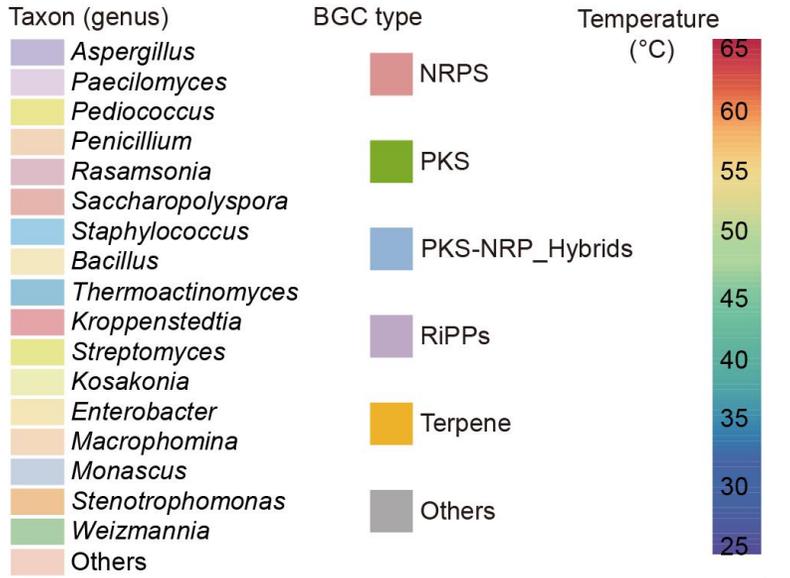
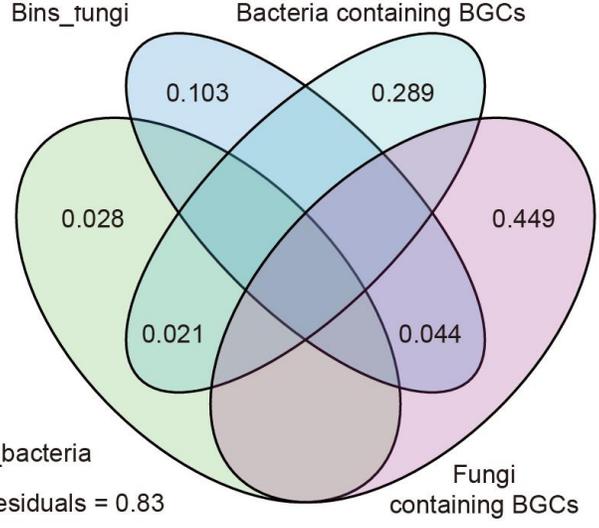
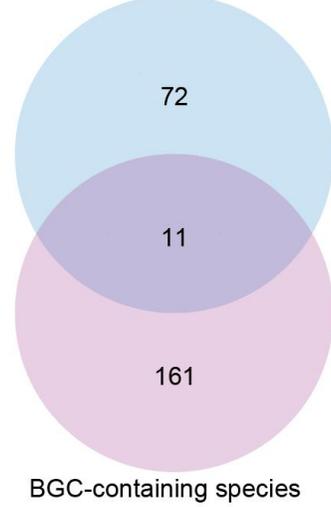
□ iCAMP表明高温组装主要受漂变与扩散限制驱动，并筛出维持丰度与多样性的关键类群。



高温下含 BGC 物种对群落稳定性的作用

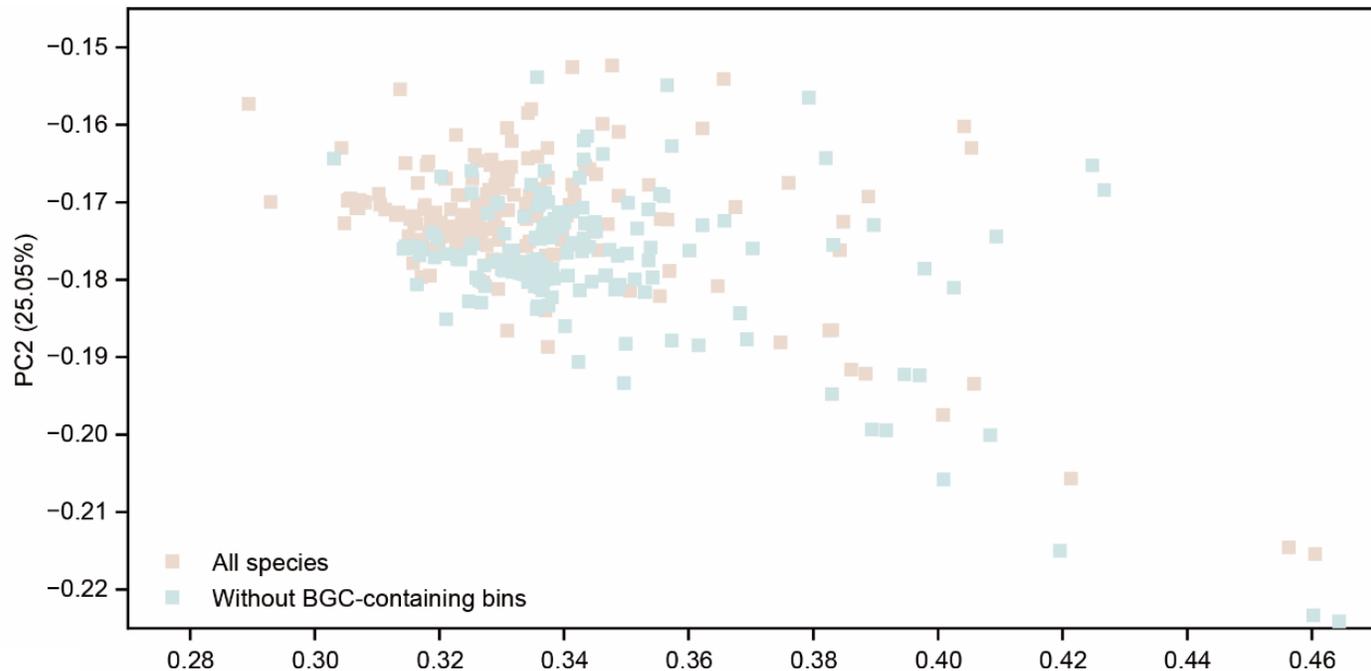


Phylogenetic groups (Bins)

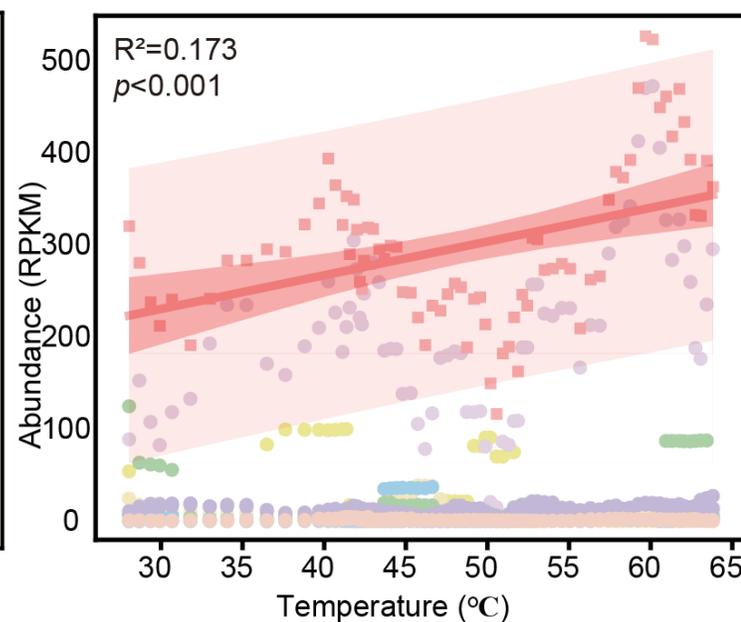
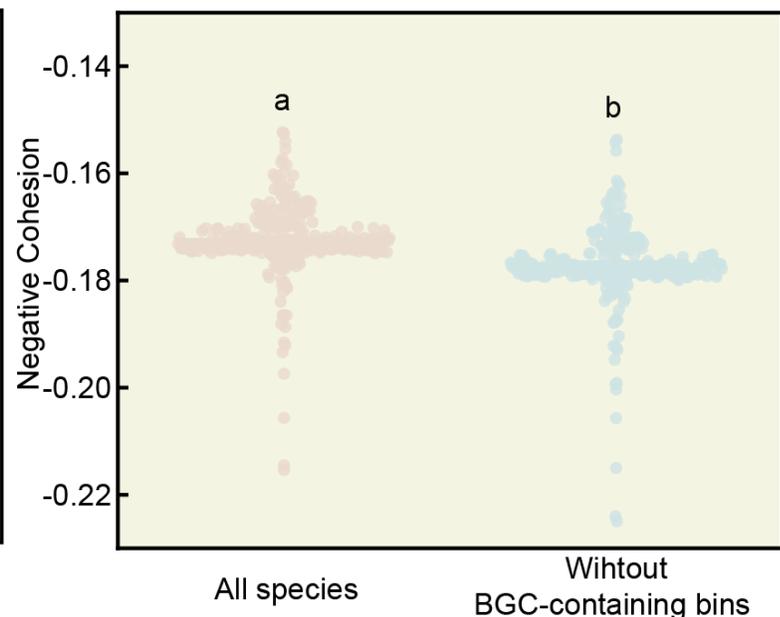
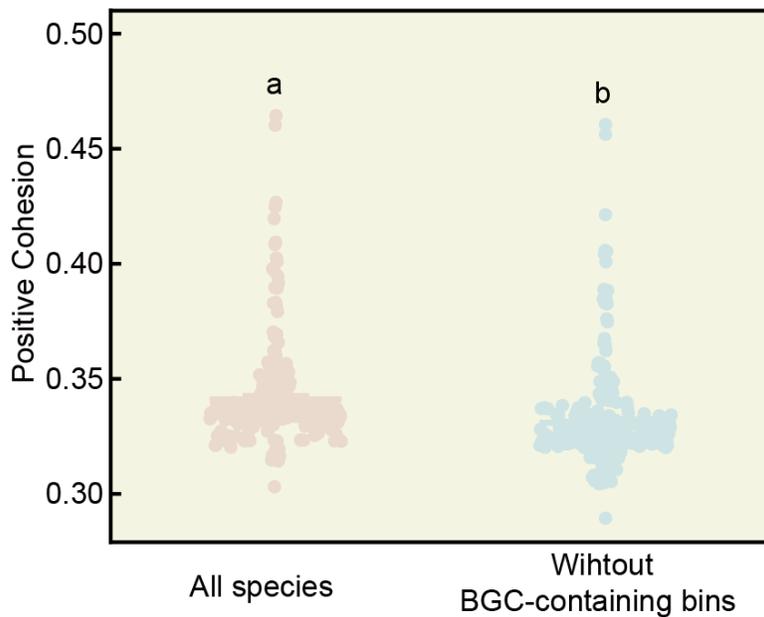


□ 次级代谢相关基因与温度显著正相关，BGC主要来自 *Paecilomyces* 与 *Aspergillus*，并在高温 (>55°C) 更集中。

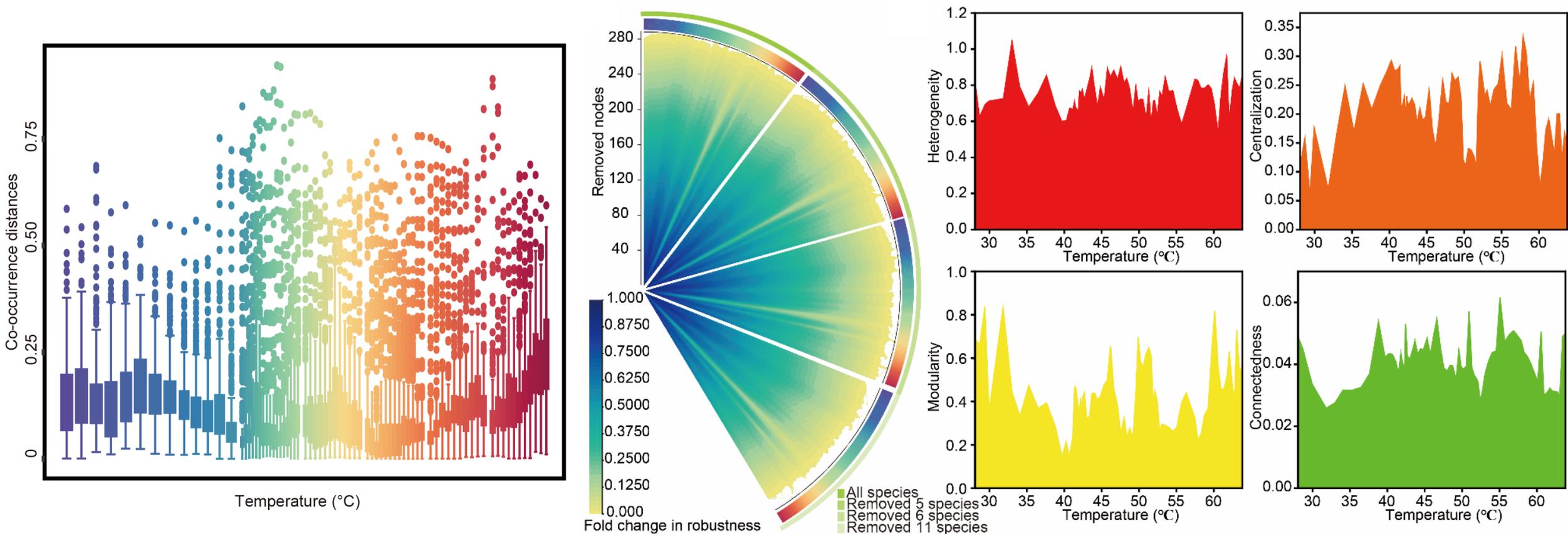
高温下含 BGC 物种对群落稳定性的作用



- 基于组装贡献与次级代谢潜力，获得 **11个关键 BGC-containing bins**，其解释了 **80.38%** 的群落组装变异，显著高于其他类群。
- 上述11个物种在群落中具备 **提高正凝聚力、降低负凝聚力的能力**，并 **增强升温过程的稳定性**。



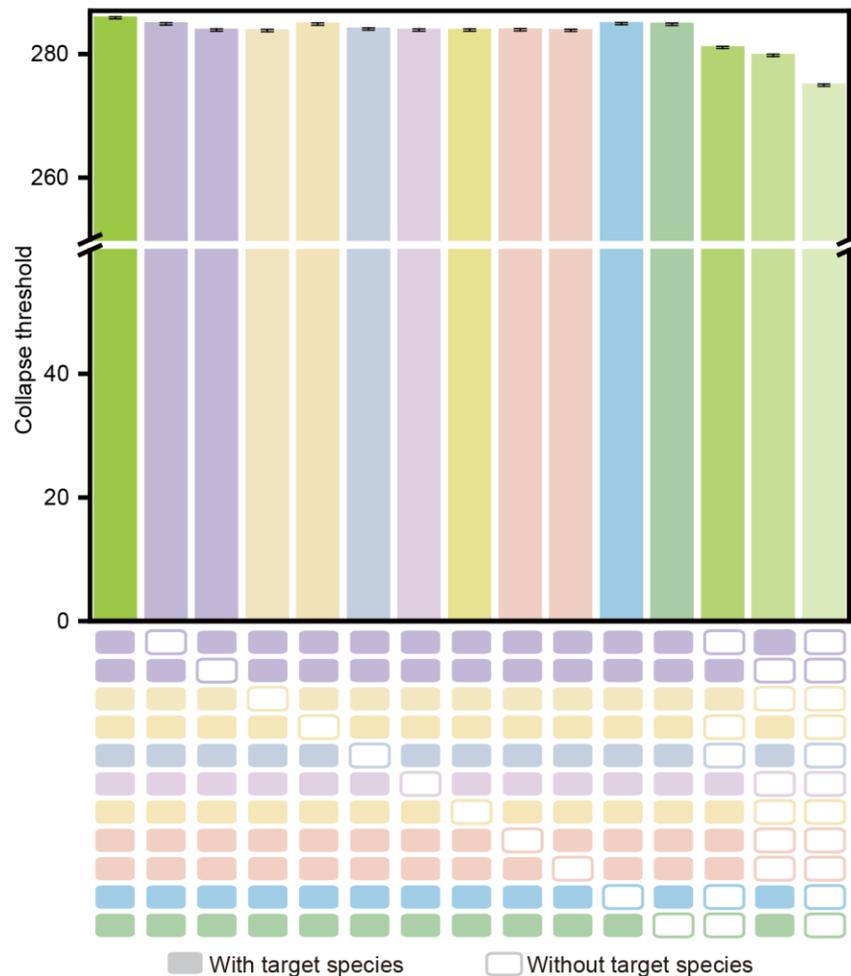
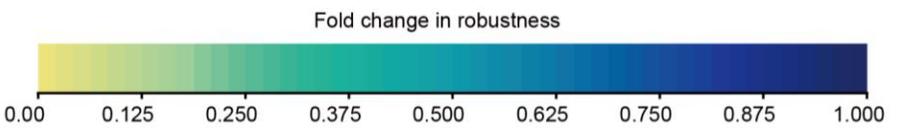
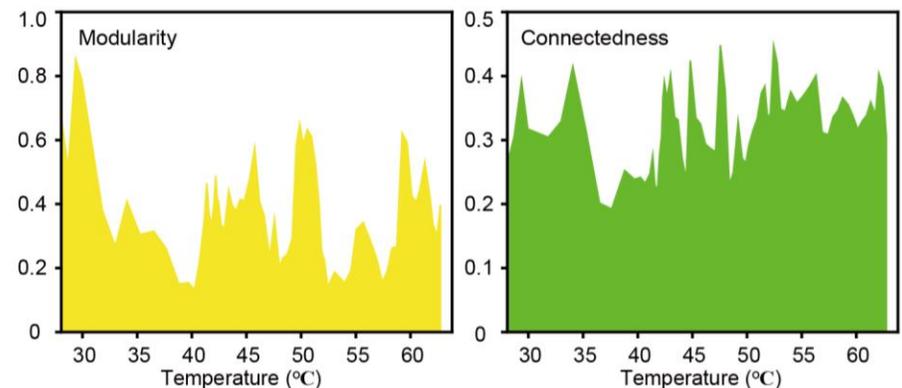
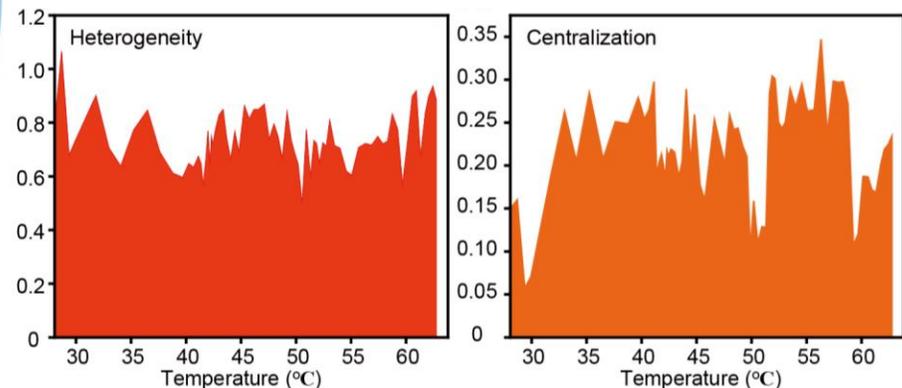
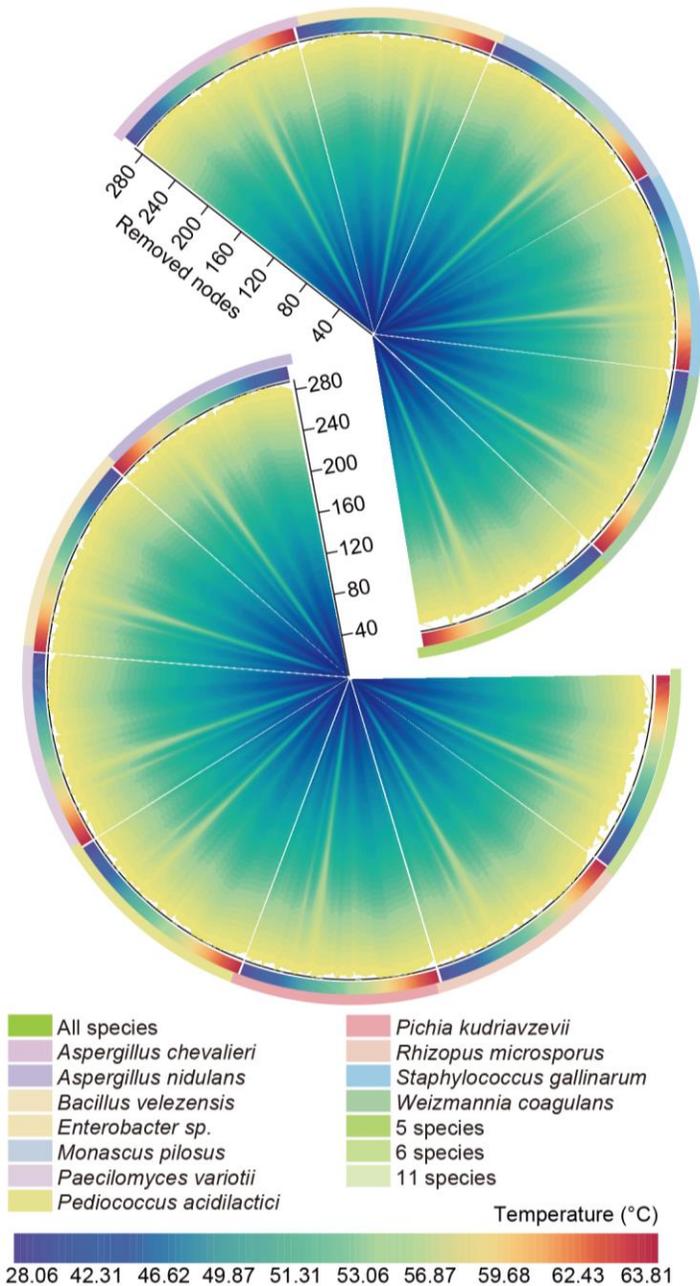
高温下微生物群落适应性与含 BGC 物种的相关性



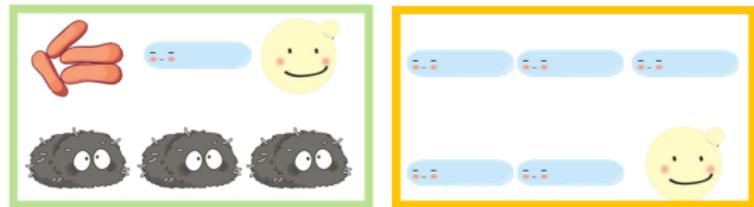
- ❑ 随温度升高（尤其 51.31–61.31°C），群落共现距离显著增大并伴随 α 多样性下降与BGC-containing bins丰度上升，提示群落通过功能调整与互作维持获得耐热适应。
- ❑ 原始群落鲁棒性与网络拓扑指数也表现出在41.56-51.31°C下降，从51.31°C开始出现上升，说明温度升高对群落存在重塑作用。

高温下微生物群落适应性与含 BGC 物种的相关性

网络移除模拟6个fundamental species（基石物种），显著降低崩溃阈值与鲁棒性，并削弱网络拓扑与互作密度，说明这些物种在高温阶段具备维持群落稳定性的能力。

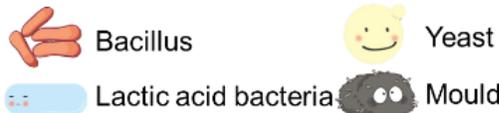


含BGC物种的生物量决定维持群落稳定性的能力

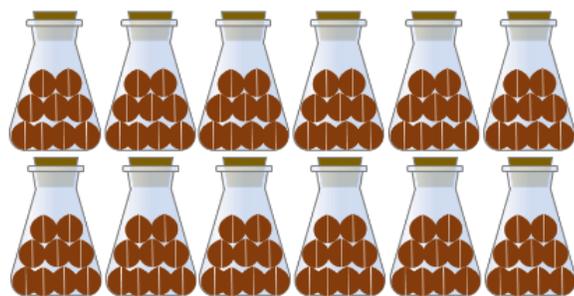


BGC-containing bins

non-BGC-containing species



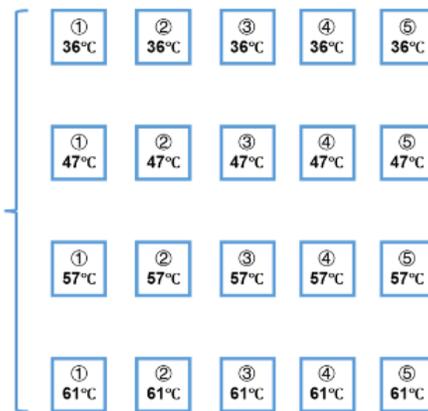
Strains



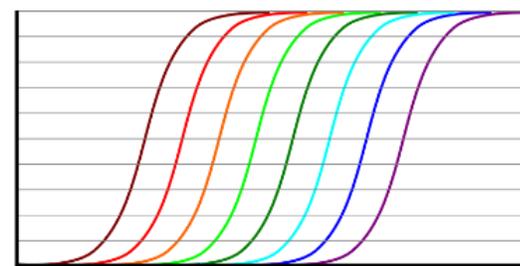
Co-cultures

- ① 0% SM + 100% NSM
- ② 25% SM + 75% NSM
- ③ 50% SM + 50% NSM
- ④ 75% SM + 25% NSM
- ⑤ 100% SM + 0% NSM

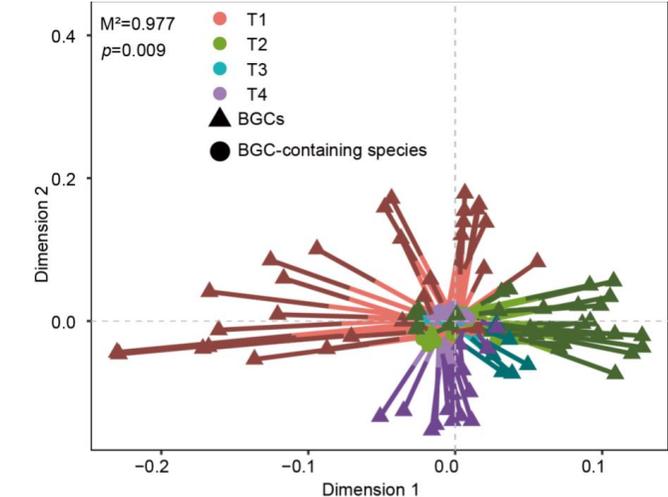
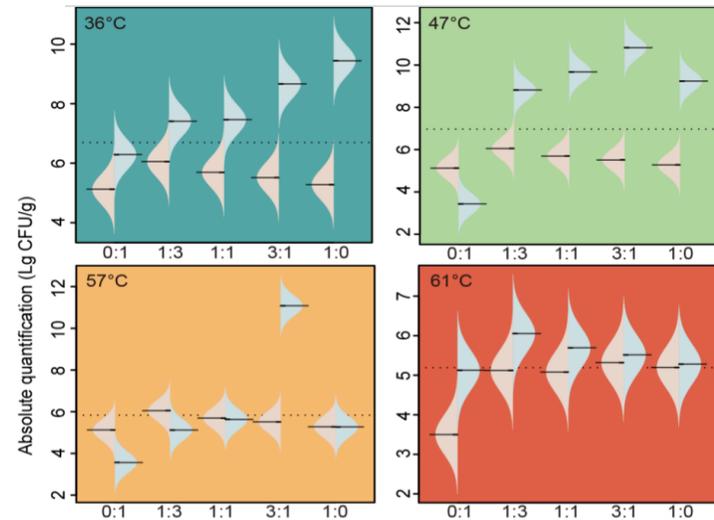
36°C
47°C
57°C
61°C



Experiment design

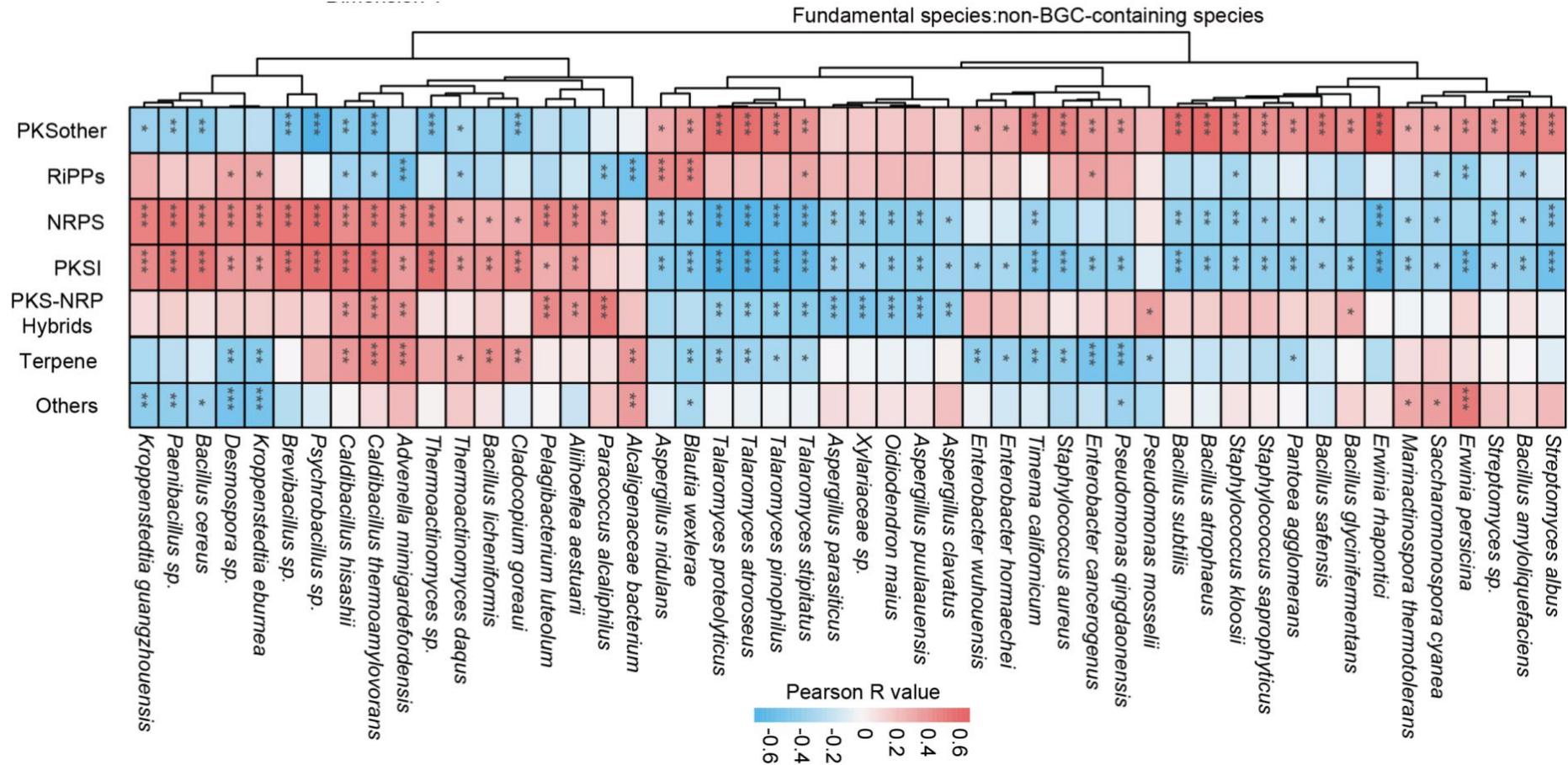


Quantification



- ❑ Procrustes与相关性检验**BGC**的稳定性效应主要由含**BGC**物种驱动，且其中90.30%（149/165）会显著影响群落**BGC**含量。
- ❑ 合成群落实验中**基石物种**的接种组合在**36–61°C**下显著提高群落总生物量，相比对照组提升50.08%以上。

含BGC物种的生物量决定维持群落稳定性的能力



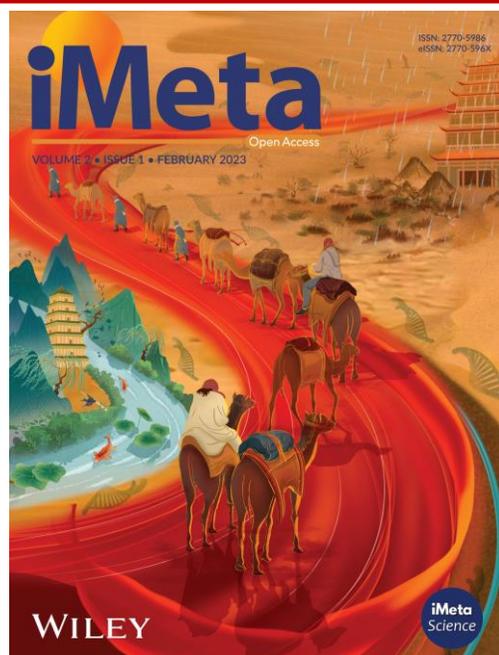
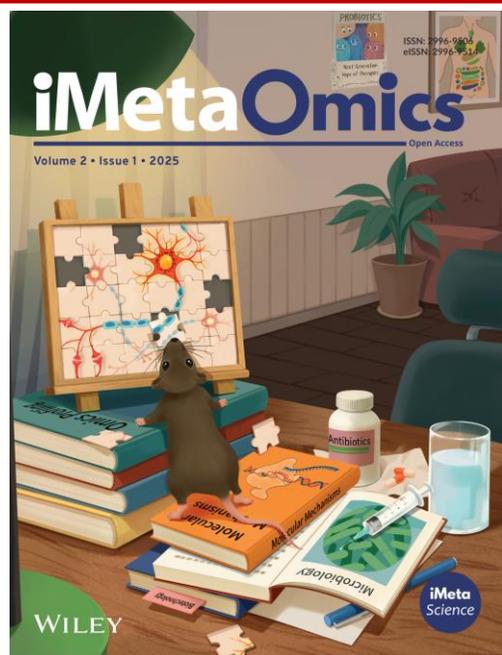
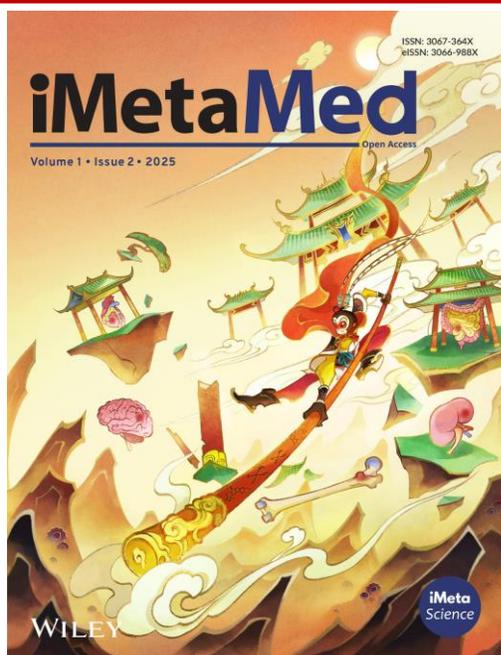
- ❑ Procrustes与相关性检验**BGC**的稳定性效应主要由含**BGC**物种驱动，且其中90.30%（149/165）会显著影响群落**BGC**含量。
- ❑ 合成群落实验中**基石物种**的接种组合在**36–61°C**下显著提高群落总生物量，相比对照组提升50.08%以上。
- ❑ 基石物种**可提升群落整体耐热性、缓解高温下其他物种衰亡**，从而增强凝聚力并维持稳定性。

总结

- 温度在大曲自然发酵过程既“破坏”又“重构”群落结构，是驱动组装过程与阶段性生态格局转换的核心因素。
- 基于iCAMP与分子生态网络分析，含BGC物种在高温胁迫下通过增强互作与凝聚力维持网络稳定性，并进一步筛出6个对鲁棒性与崩塌阈值贡献的“基石物种”。
- 基石物种的缺失会显著削弱互作强度并打破群落平衡，而其存在可通过网络重塑、资源分配与协同应激反应促进群落恢复与功能持续。
- 合成群落共培养验证显示，在不同温度与接种比例下基石物种可带来显著生物量优势（ $\geq 50.08\%$ ），说明含BGC的基石物种是热胁迫发酵生态系统稳定性锚点。

Shibo Ban, Binghao He, Yang Song, Xinli An, Yan Xu, Qun Wu, Yu Shi. 2026. Biosynthesis gene cluster-containing species drive microbial community stability under thermal stress through enhanced ecological cohesion.

iMetaOmics 3: e70082. <https://doi.org/10.1002/imo2.70082>



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

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

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

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)



更新日期
2025/7/6