

“暖湿” 转型重塑干旱湖泊微生物组及其功能潜力

申震^{1,2}, 李星辰³, 龚志军^{1,2*}, 胡洋¹, 蔡永久^{1,2}, 邵克强^{1,2}, 高光^{1,2},
Robbie M. Martin⁴, 汤祥明^{1,2*}

¹中国科学院南京地理与湖泊研究所湖泊与流域水安全全国重点实验室

²中国科学院大学

³安徽理工大学

⁴美国田纳西大学



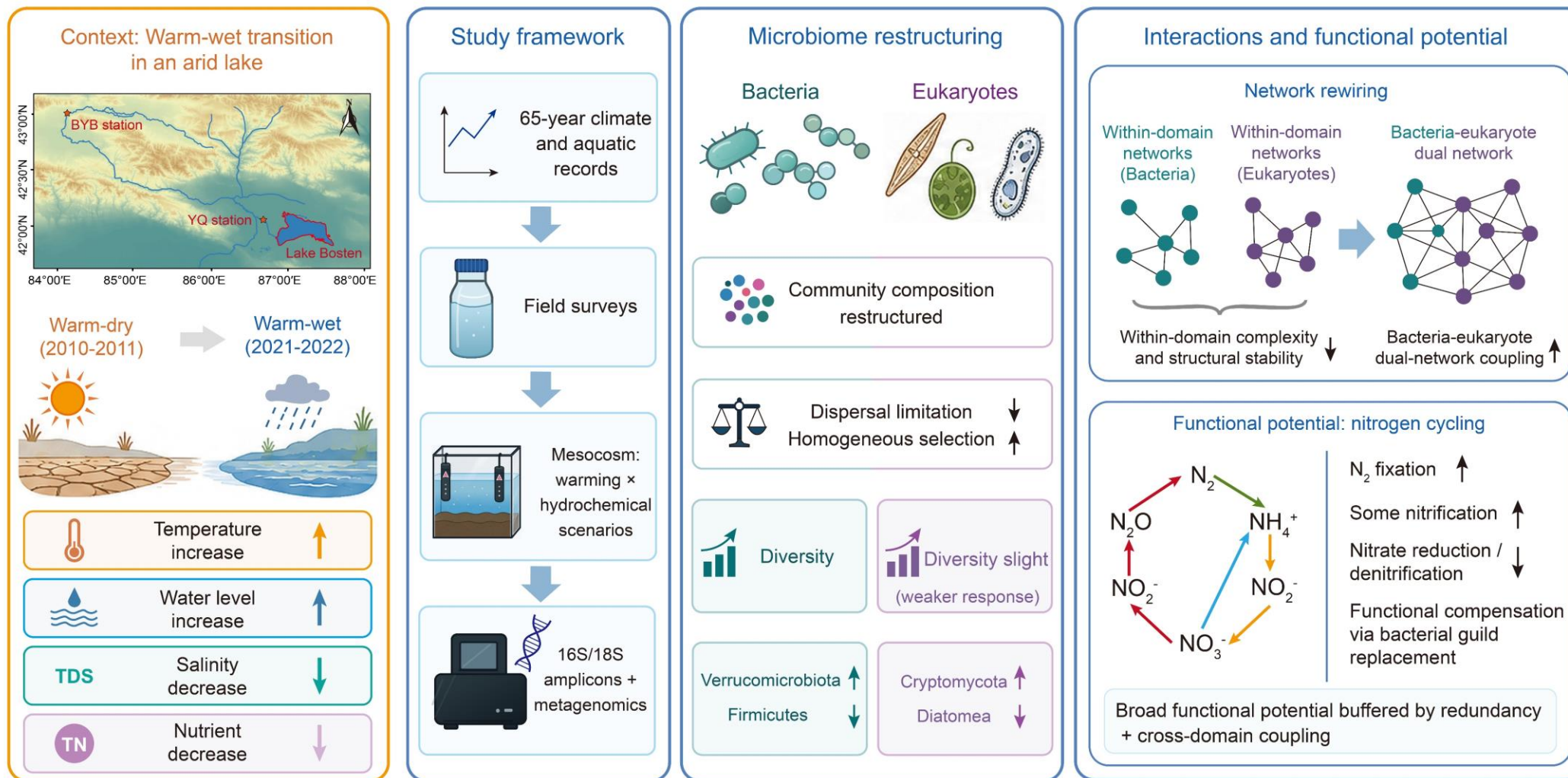
Shen Zhen, Li Xingchen, Gong Zhijun, Hu Yang, Cai Yongjiu, Shao Keqiang, Gao Guang, et al. 2026.
Warm-wet transition restructures arid lake microbiomes and functional potential.

iMetaOmics 3: e70119. <https://doi.org/10.1002/imo2.70119>



亮点

Warm-wet transition restructures arid lake microbiomes and their functional potential

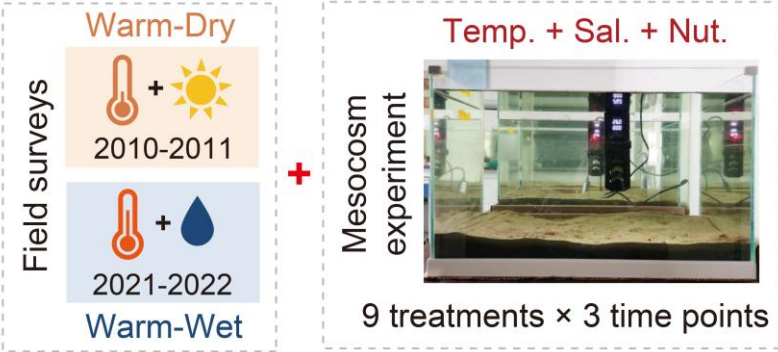


Warm-wet hydroclimatic change rewires arid-lake microbiomes, weakens within-domain network stability, but preserves broad functional potential through cross-domain coupling and taxonomic compensation.



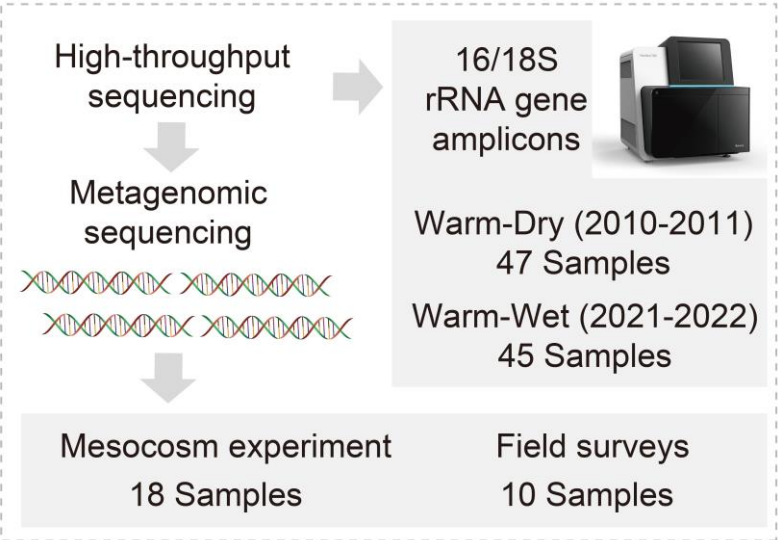
研究设计与数据分析

研究设计



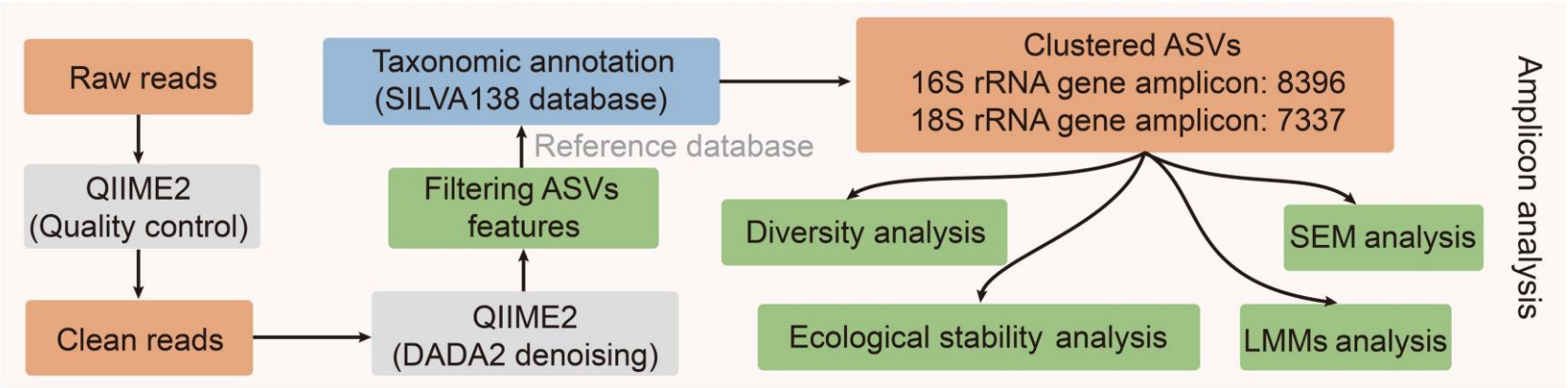
跨时期野外调查

中尺度未来情景
模拟实验

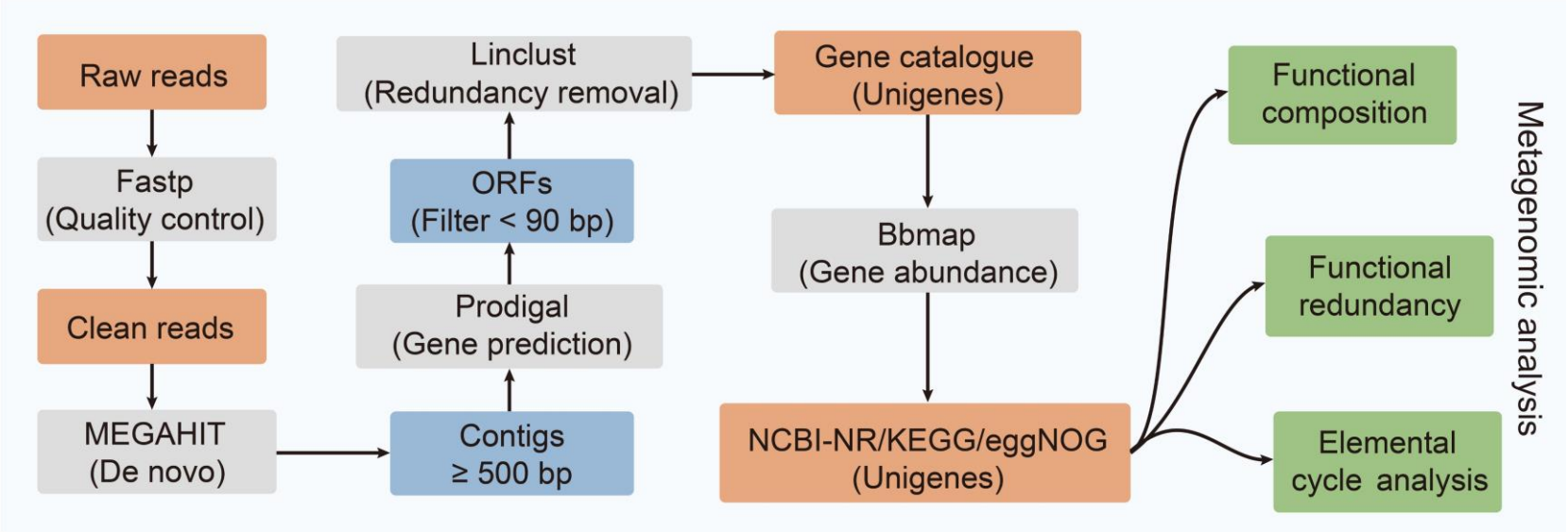


16S/18S高通量和宏基因组测序

生物信息学分析流程



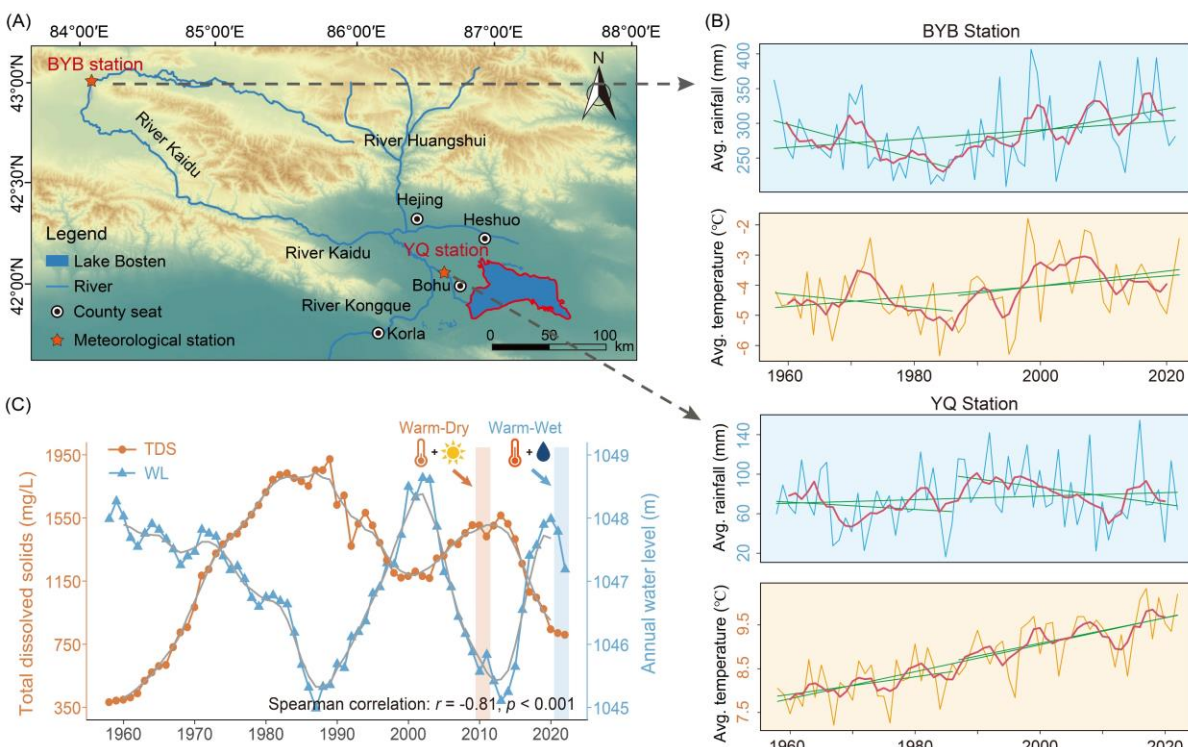
16S/18S高通量测序数据分析流程



宏基因组测序数据分析流程



结果1：暖湿转型重构湖泊环境与微生物多样性



细菌Observed ASVs和Shannon指数显著**升高**。

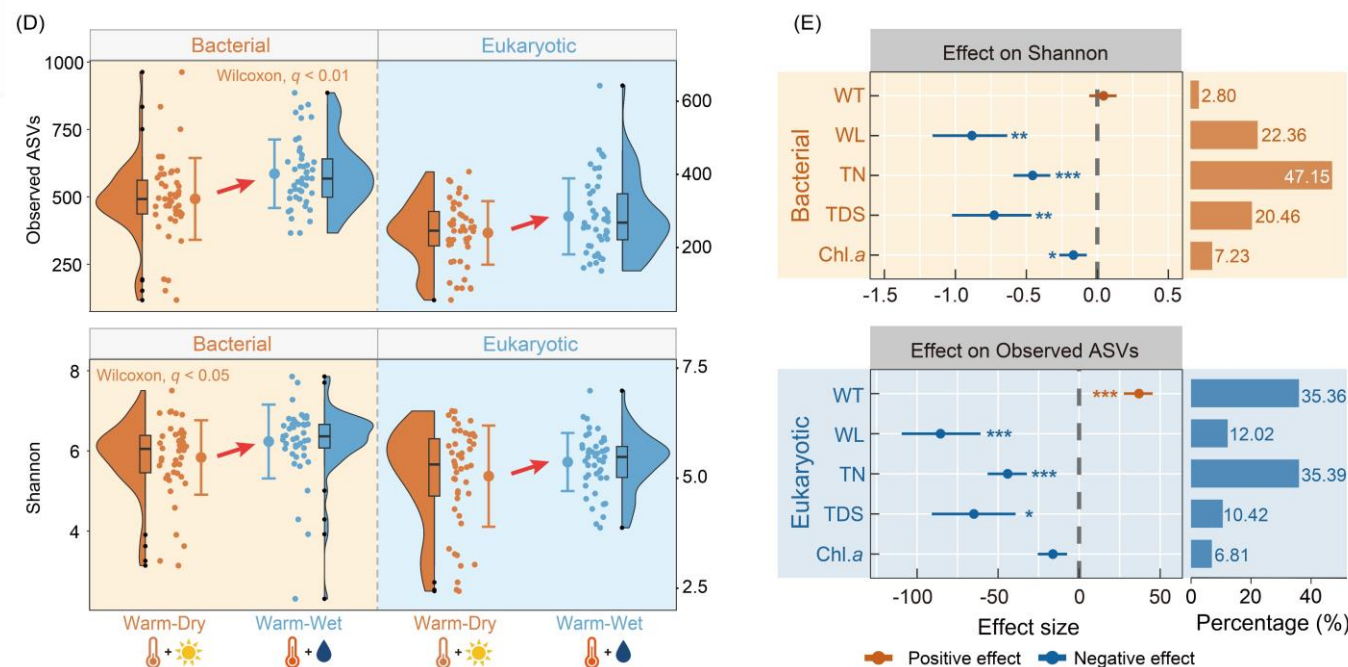
真核微生物多样性均值升高但无统计学差异。

细菌多样性主要由总氮、水位和矿化度解释。

真核微生物则由总氮、水温、水位等因子共同驱动。

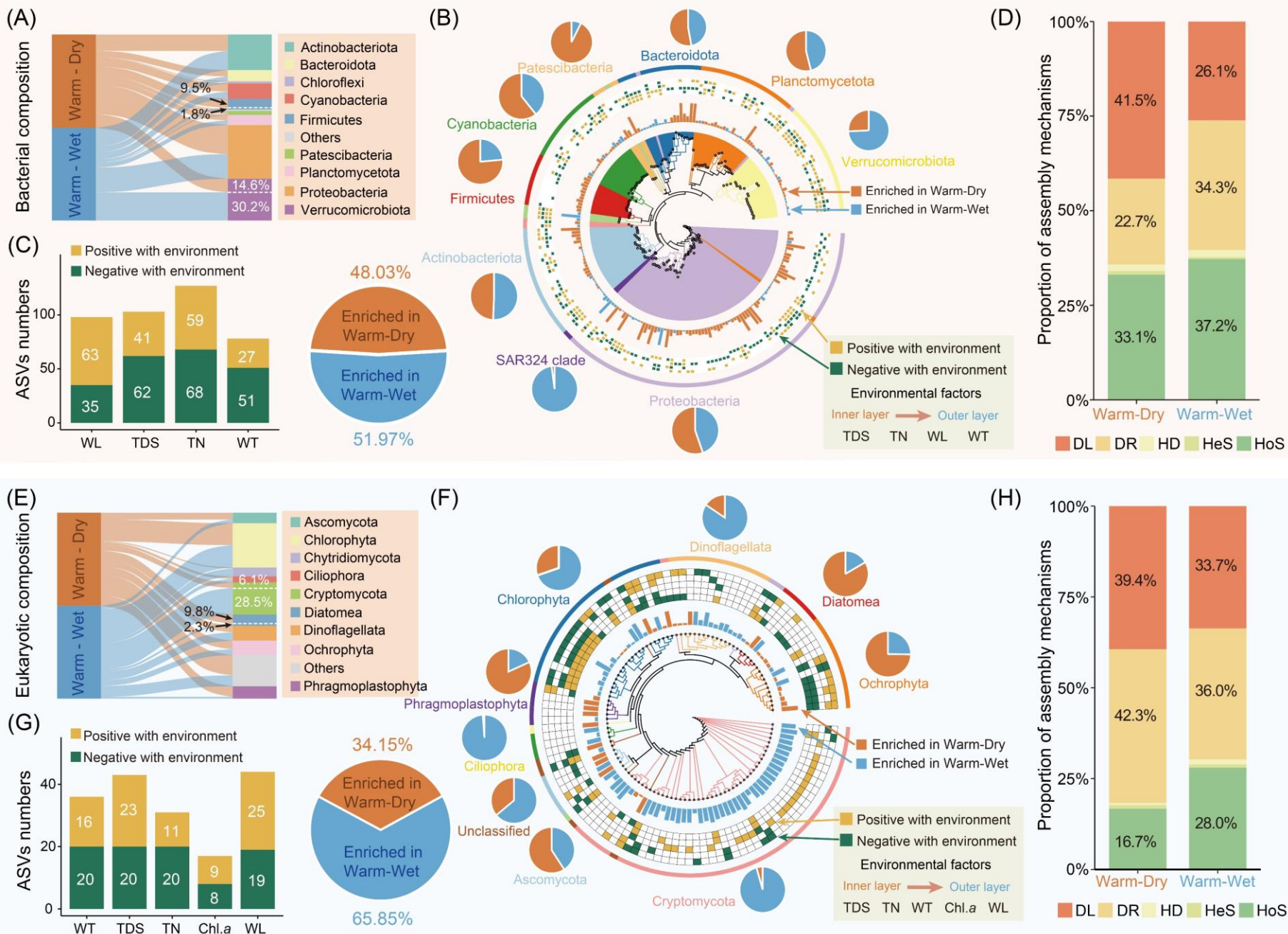
博斯腾湖流域气候由“暖干”向“暖湿”转型。

暖湿时期水位**升高**、矿化度和总氮**降低**，水温和叶绿素**a升高**。





结果2：群落组成重组与构建过程转变



细菌：Verrucomicrobiota

由14.6%升至30.2%，

Firmicutes由9.5%降至1.8%。

真核：Cryptomycota由

6.1%升至28.5%，

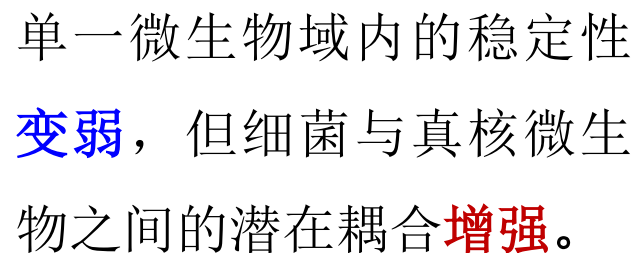
Diatomea由9.8%降至2.3%。

同质选择增强，扩散限制

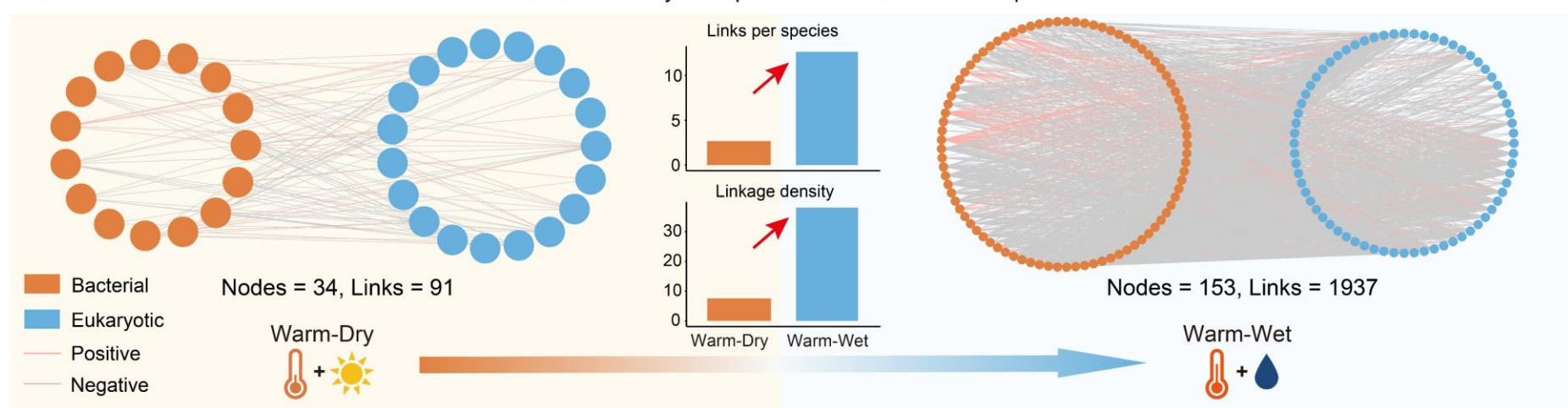
减弱。



Bacterial network patterns in different periods

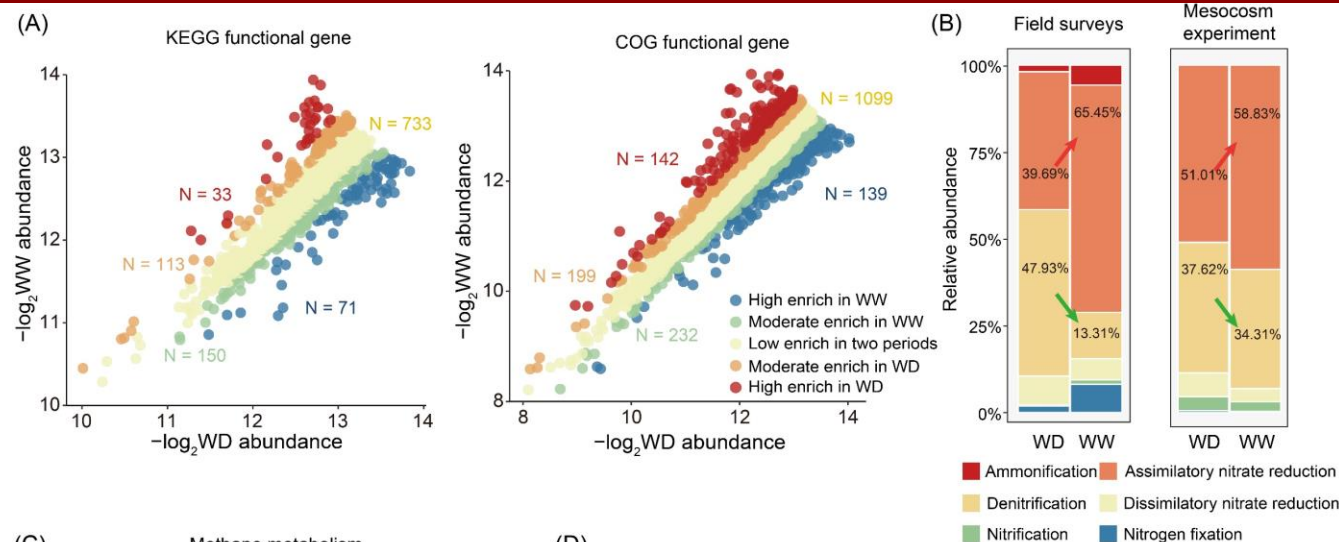


Bacterial-eukaryotic bipartite networks in different periods



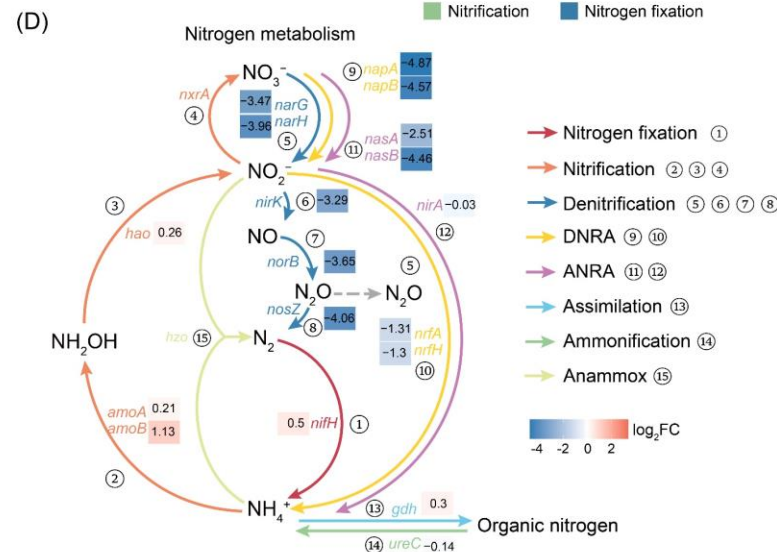
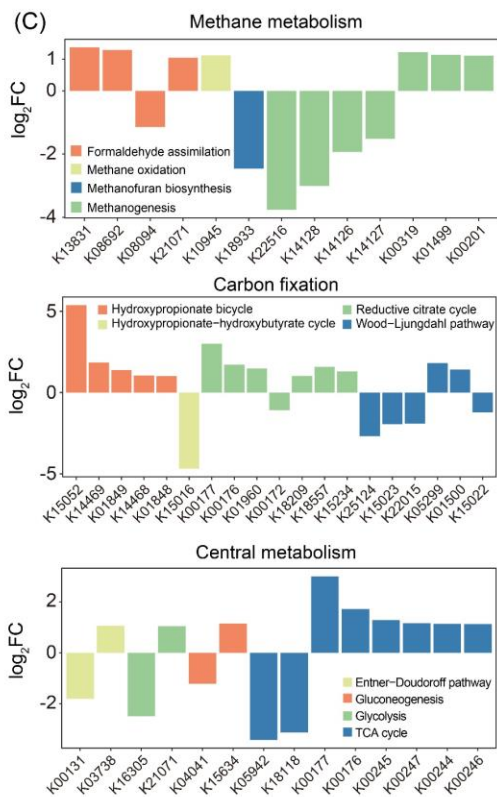


结果4：功能潜力被缓冲并发生路径特异性重分配

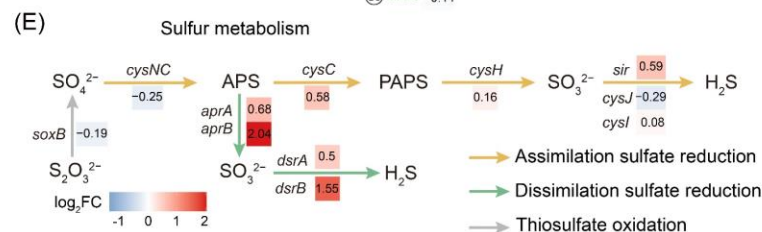


广义KEGG/COG功能组成未检测到显著时期差异，功能潜力具有缓冲性。

同化硝酸盐还原相对比例由39.7%**升至**65.5%，反硝化由47.9%**降至**13.3%。



固氮、部分硝化或铵化相关基因丰度**升高**，而反硝化基因整体**降低**。

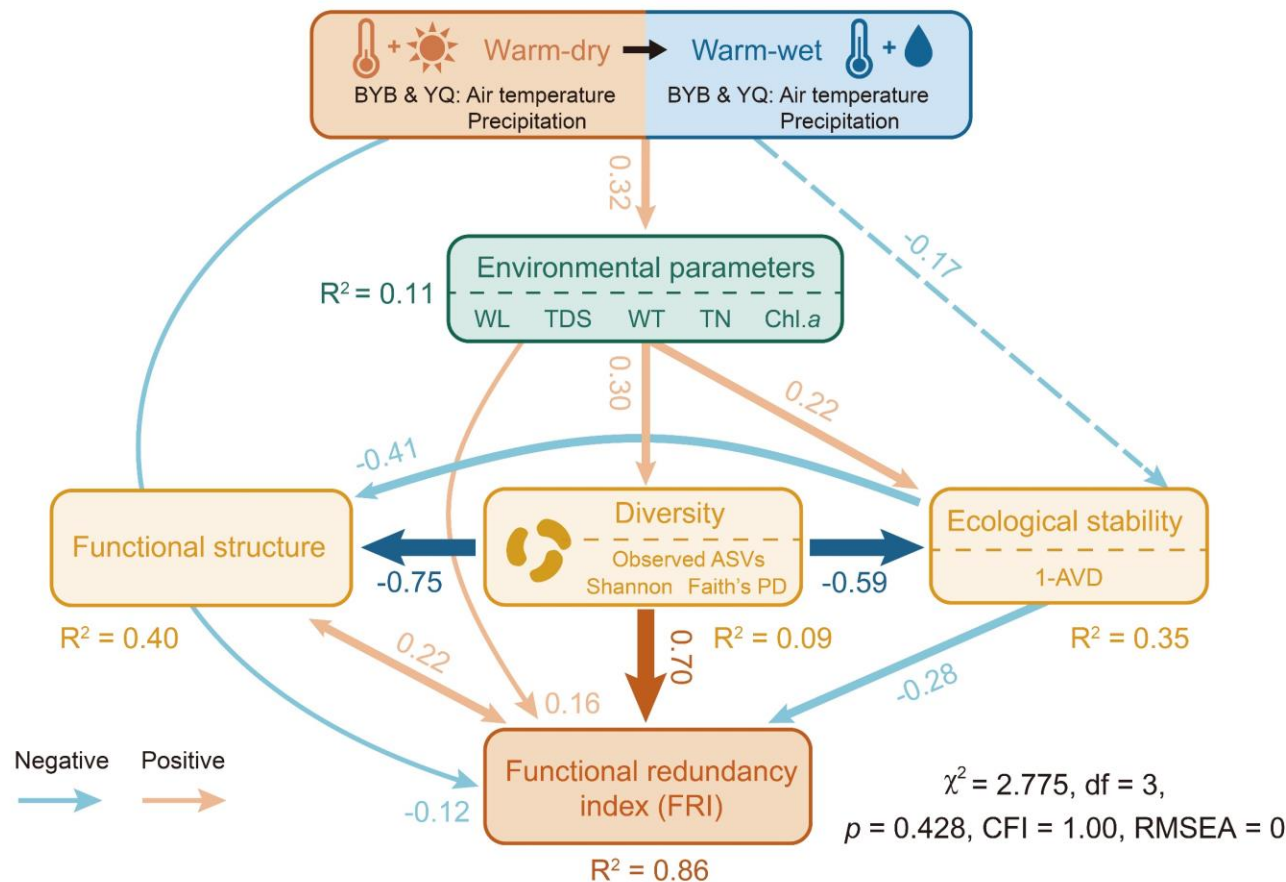


暖湿转型对功能的影响不是整体增强或下降，而是关键元素循环路径之间的选择性重组。



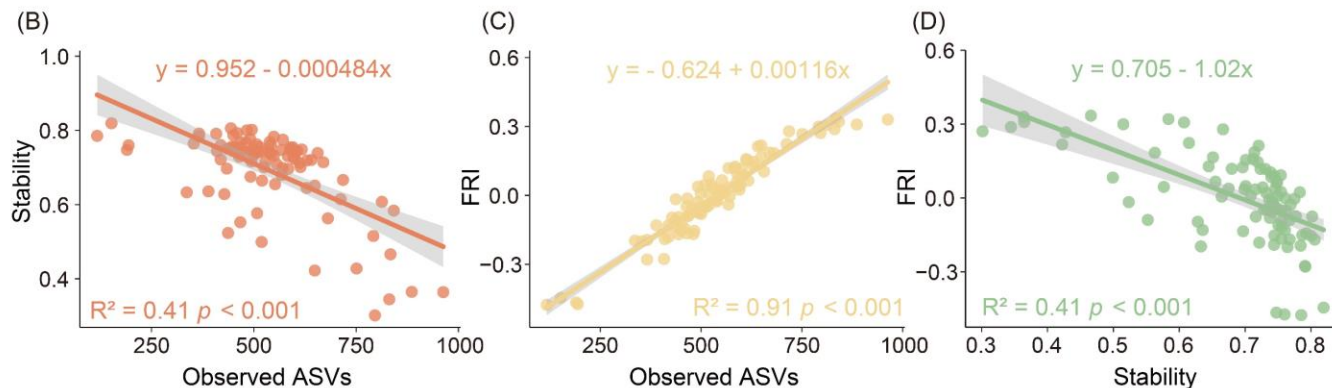
结果5：多样性、稳定性、功能冗余与功能性状紧密耦合

(A)



气候转型通过水位、TDS、WT、TN和Chl.a间接关联微生物多样性。

多样性与群落组成稳定性**负相关**，但与功能冗余**正相关**。



暖湿转型导致显著的分类重组和网络重连，但功能冗余、跨域耦合和功能类群替换可以在一定程度上缓冲广义功能潜力。



总结

暖湿气候变化重构微生物组，但功能潜力具有缓冲性

环境层面

暖湿转型通过升温和升高水位改变水文连通性、水体稀释、盐度和营养盐条件。

网络层面

域内网络复杂性和结构稳定性下降，但细菌-真核微生物跨域耦合增强。

群落层面

细菌和真核微生物均发生组成重组，并表现出同质选择增强和扩散限制减弱。

功能层面

广义功能组成受到功能冗余和分类群替换的缓冲，而氮循环等关键元素循环发生路径重分配。

暖湿转型

水位↑ 盐度↓
TN↓

群落重组

网络重连

功能缓冲

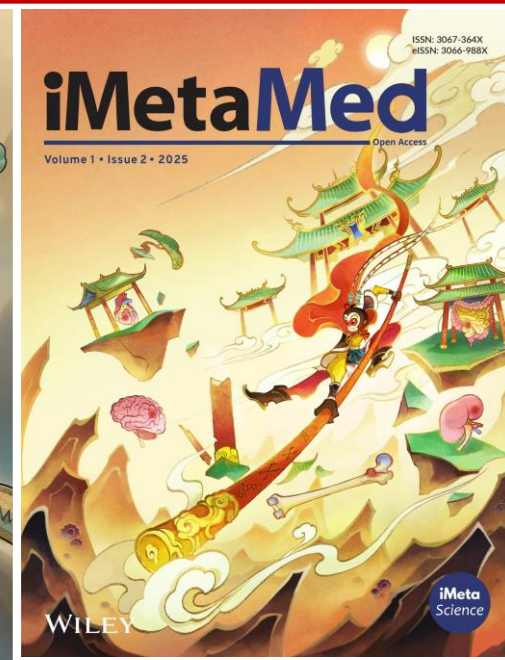
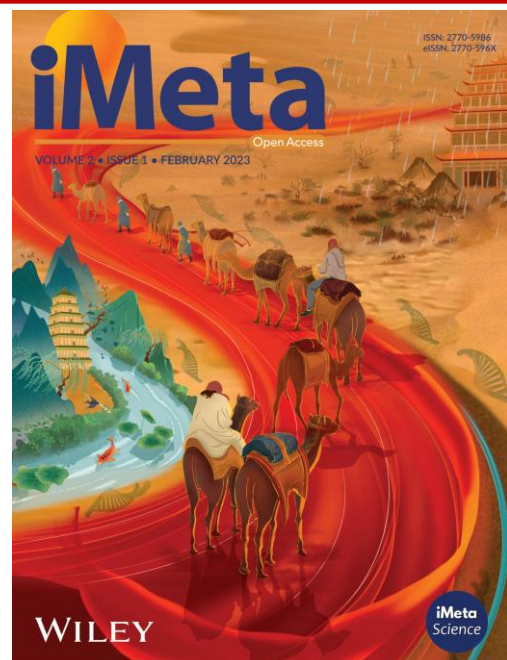
核心 结论

暖湿转型会显著重构干旱湖泊微生物组的分类组成和生态互作结构，但微生物组可以通过**功能冗余、跨域耦合和功能类群替换**维持一定的功能缓冲能力。

Shen Zhen, Li Xingchen, Gong Zhijun, Hu Yang, Cai Yongjiu, Shao Keqiang, Gao Guang, et al. 2026.

Warm-wet transition restructures arid lake microbiomes and functional potential.

iMetaOmics 3: e70119. <https://doi.org/10.1002/imo2.70119>



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，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
2026/6/17