城市环境所在水库跨域微生物互作对蓝藻水华响应方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/20118.html

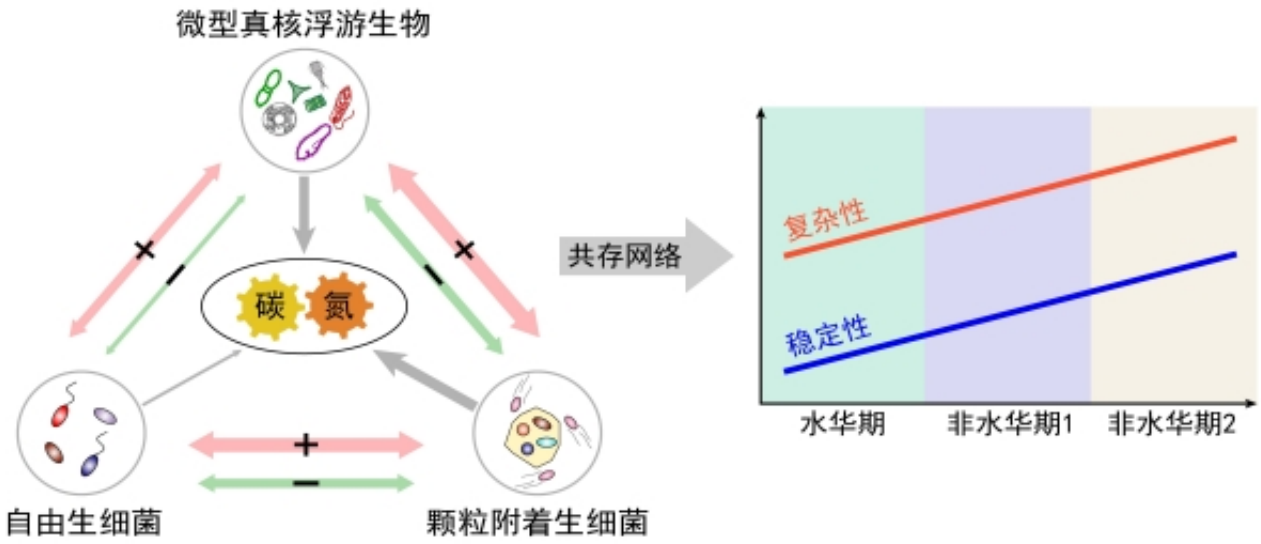
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

在气候变化和富营养化加剧的背景下，有害蓝藻水华在全球的发生频率和强度呈增加趋势，严重威胁着水生生态系统服务功能。水体微型真核浮游生物和浮游细菌通过物质循环、能量流动和信息交换，在微食物网中形成复杂的互作关系（如捕食、共生和寄生），进而维持生态系统结构和功能的稳定。前期研究发现水库水华蓝藻的生消过程与稀有微型真核浮游生物密切相关，强调了稀有种在维持水库生态系统稳定性中的作用；蓝藻水华会促进浮游细菌从自由生向附着生的生活方式转化。但对于跨域微生物互作关系如何响应蓝藻水华，蓝藻水华是否通过水体理化因子改变跨域微生物互作关系等问题的研究和认知还十分有限。

中国科学院城市环境研究所研究员杨军团队综合应用宏基因组测序技术、扩增子测序方法和分子生态网络分析平台构建了微生物跨域网络，对水库蓝藻水华发生及消退过程中跨域微生物互作关系的复杂性和稳定性，及其对碳氮循环的影响进行了研究。结果表明微型真核浮游生物，特别是原生生物，是微生物共存网络中最重要的核心类群，其次是颗粒附着生细菌。微型真核浮游生物与颗粒附着生细菌相关性更强，以负相关为主。与蓝藻水华相关的环境因子（水温、pH、叶绿素*a*
、总碳、总有机碳和亚硝酸盐）强烈影响着微型真核浮游生物和颗粒附着生细菌的丰度及其互作关系。由于在多数网络主要模块中微型真核浮游生物和颗粒附着生细菌是优势类群，它们的丰度随着水华的消退显著增加或者降低，而自由生细菌仅在个别的模块中是优势类群，它们的丰度随着水华的消退没有显著变化；在一些主要网络模块中原生生物捕食者（如纤毛虫）丰度随着水华的消退显著降低，而被捕食者颗粒附着生细菌（如变形菌和拟杆菌）丰度显著增加。更重要的是，在水华消退后，由于可利用资源（碳、氮）降低增强了微生物营养级之间关系，促进了跨域网络复杂性的显著增加，微型真核生物（尤其是原生生物）增强了跨域微生物网络的稳定性。与自由生细菌的核心种相比，微型真核生物和颗粒附着生细菌的核心种决定了网络结构和潜在功能（氮循环、碳固定和碳降解）的变化。因此，这些微型真核生物和颗粒附着生细菌核心种可以作为水库生态系统中微生物群落结构和功能稳定性的指示生物。研究强调了在评估环境干扰对微生物互作网络影响时，应考虑跨域微生物、不同生活方式微生物互作关系的贡献。该研究揭示了蓝藻水华对跨域微生物互作关系的影响过程和效应，为深刻理解水生态系统结构和功能稳定性提供了新见解。

相关研究成果以*Microbial hierarchical correlations and their contributions to carbon-nitrogen cycling following a reservoir cyanobacterial bloom*为题发表在*Ecological Indicators*上。研究工作得到国家自然科学基金、福建省自然科学基金等项目的资助。

论文链接



跨域微生物互作关系对蓝藻水华的响应

研究团队单位：城市环境研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发