

---

# 城市环境所植物特性调控叶际微生物组研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/24799.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！*

近日，中国科学院城市环境研究所朱永官团队以土壤-植物（蔬菜）系统中的原生生物为研究对象，采用高通量测序、全基因组测序、流式细胞分选、高通量荧光定量技术，探索原生生物群落的动态特征、功能角色及其与病原菌的相关关系。

“同一健康”概念指出人类的健康与土壤、植物等自然生态系统的健康密不可分。原生生物作为土壤-植物系统微生物组中不可或缺的组成部分，影响生态系统的功能与健康。研究各类群原生生物的特征与功能，是探究原生生物对环境与人类健康影响的必要前提。蔬菜叶际作为微生物从土壤-植物系统传播到人类中的重要载体，贮存着威胁人类健康的病原菌与耐药菌——它们的定殖受到原生生物捕食压力的影响。然而，目前关于原生生物与人类病原菌相关关系的研究有限，缺乏原位考察蔬菜叶际原生生物及其内生病原菌互作关联的视角。因此，研究对不同施肥处理下种植不同蔬菜的土壤-植物系统内叶际、根际、非根际土壤中各类群原生生物在蔬菜生长过程中的动态组成、驱动因素、组装机制及微生物共发生模式进行考察。进一步，以超市中的生食蔬菜为研究对象，科研人员挖掘了原生生物内生病原菌基因组的抗生素抗性与毒力特征，解析了叶际原生生物与人类病原菌的潜在关联。

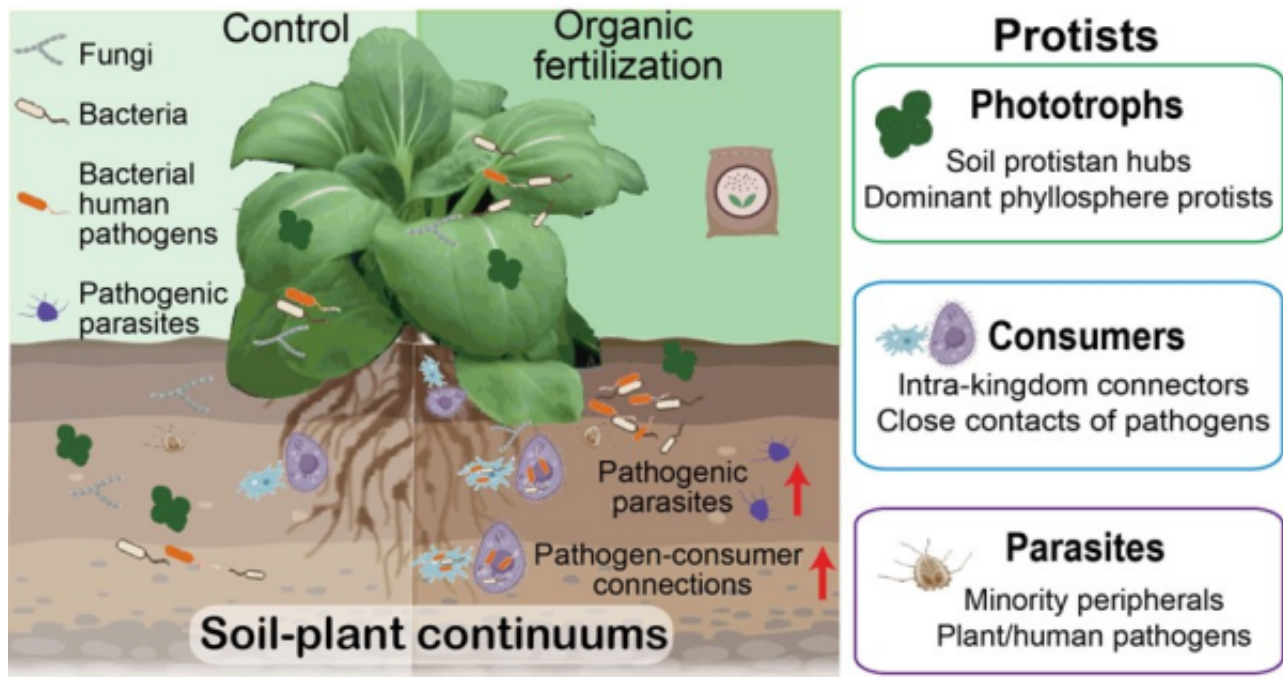
盆栽实验结果表明，土壤原生生物的多样性是叶际原生生物多样性的7倍。吞噬型原生生物是土壤中多样性最高的原生生物类群，根际土壤的代表原生生物，也是微生物互作网络中主要的跨界连接者，在植物生长早期可能主要受到植物根际确定性招募的影响。光养型原生生物具有最广的生态位宽度，是叶际原生生物的主导类型，也是土壤微生物互作网络中主要的原生生物模块枢纽和内部连接核心。寄生型原生生物则作为边缘者较少参与微生物间的互作。有机施肥是驱动原生生物群落变化的首要因素，降低了原生生物的多样性、抑制了原生生物内部的相互作用，却增加了根际土的潜在健康风险。上述研究较为系统地阐明了土壤-植物系统中各类原生生物的特征，为探索原生生物功能、维护环境与人类健康奠定了基础。

超市蔬菜采集结果表明，蔬菜种类强烈塑造了叶际原生生物的群落组成并影响了人类病原菌标记基因的分布。其中，韭菜叶际原生生物的多样性和病原菌标记基因（HPMGs）丰度最高。研究人员在90%的蔬菜叶际样本中检出26种潜在人类病原菌。其中，金黄色葡萄球菌和肺炎克雷伯菌丰度最高。随机森林模型指出吞噬型原生生物是叶际HPMGs总丰度变化的关键指示者。其中，在关键原生生物Colpoda体内分离出多种人类潜在耐药病原菌，包括携带毒力因子（VFs）和ARGs数量最多的硝基还原假单胞菌，以及具有较临床参考菌株更高毒力潜力的嗜麦芽窄食单胞菌和木糖氧化无色杆菌。同时，研究显示，内生菌基因组中的VFs、ARGs和金属抗性基因高频共存且具有共选择及共转移的潜力，这可能有助于内生菌在原生生物体内的存活。该研究揭示了吞噬型原

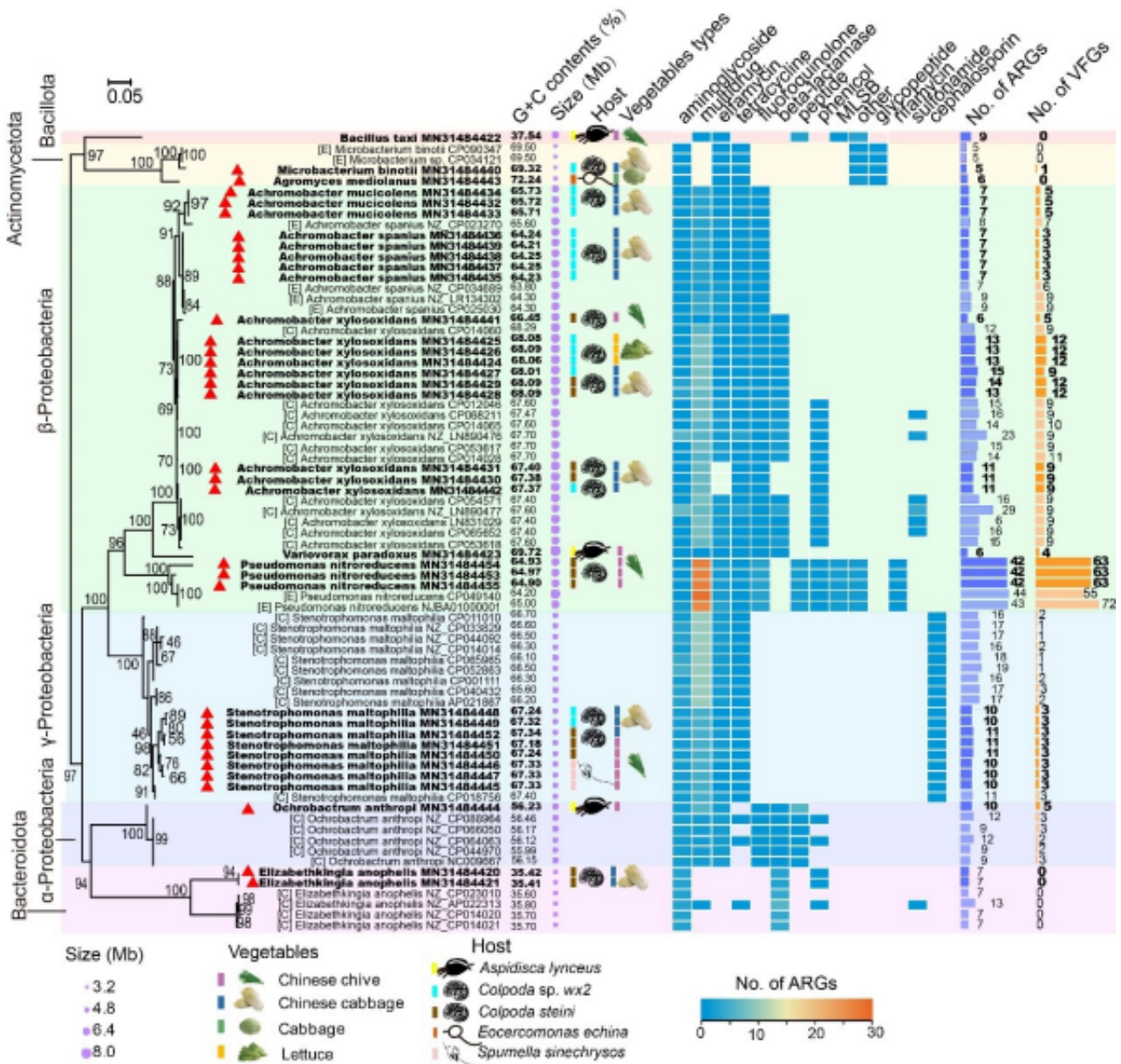
生生物是蔬菜叶际耐药病原菌的传播载体，并强调了吞噬型原生生物的捕食压力可能是病原菌与耐药菌出现与传播的重要驱动力。

相关研究成果分别以Phagotrophic protists preserve antibiotic-resistant opportunistic human pathogens in the vegetable phyllosphere和Movement of protistan trophic groups in soil – plant continuums为题，发表在ISME Communications与Environmental Microbiology上。研究工作得到国家自然科学基金的支持。

论文链接：[1](#)、[2](#)



各类群原生生物在土壤-植物系统互作网络中扮演不同的角色



蔬菜叶际原生生物内生菌所携带的ARGs和毒力因子

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](https://www.iikx.com)转发