我国荒漠微生物多样性格局及群落构建机制获揭示

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/24813.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！

我国荒漠微生物多样性格局及群落构建机制获揭示。中山大学生命科学学院教授李文均课题组董雷等人，研究揭示了我国荒漠生态系统中微生物多样性地理分布格局及其群落构建机制。近日，相关成果发表于《全环境科学》。

论文第一作者、中山大学生命科学学院特聘副研究员董雷表示，荒漠区微生物在维持全球生物地球化学循环、影响气候和应对全球环境变化方面发挥着重要作用。然而，对我国荒漠生态系统中的微生物群落多样性，地理分布格局，群落构建过程及其驱动机制，目前研究依然知之甚少。

研究人员前期在我国西北荒漠主要分布区，包括塔克拉玛干沙漠、古尔班通古特沙漠等8大沙漠及其周边区域进行了大规模的野外样品采集工作，测定了其生物及非生物参数指标，并利用高通量测序技术获取不同微生物类群的序列信息。通过耦合气候、地理、理化参数和物种组成等信息，以探寻不同干旱程度的荒漠生态系统中各微生物类群的地理分布特征，响应规律及驱动其群落构建的内在、外在因素。

结果显示，不同干旱模式（半干旱、干旱和极端干旱）导致沙漠生态系统环境异质性发生了明显变化，不同微生物类群也呈现不同的地理分布格局。同时，微生物多样性也随着干旱度的增加而减少，且环境异质性也对不同干旱生态系统下微生物多样性的影响很大。

进一步利用典范对应分析法比较不同沙漠生态系统下细菌、真菌和原生生物的多样性与环境异质性/土壤理化性质的关系。研究发现区分极端干旱和干旱生态系统的阈值0.8也是大多类群相对丰度变化的拐点值。此外，微生物群落组装过程分析表明细菌的群落构建主要受同质化选择的影响，而真菌和原生生物则主要受扩散限制模式的驱动。

论文通讯作者李文均表示，其研究提供了多种证据揭示了我国不同荒漠生态系统下生境专一化对微生物群落多样性、组成、组装模式和共现网络的影响，为进一步的分离培养目标微生物类群及应用基础研究打下了坚实的理论基础。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.168048

作者：董雷等 来源：《全环境科学》

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