
中国科学院成都生物研究所张林教授团队：金沙江下游水位波动带不同植物群落中土壤微生物群落多样性和稳定性的驱动机制 MDPI Microorganisms

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/39926.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！

中国科学院成都生物研究所张林教授团队：金沙江下游水位波动带不同植物群落中土壤微生物群落多样性和稳定性的驱动机制 MDPI Microorganisms。论文标题: The Driving Mechanisms of Soil Microbial Community Diversity and Stability in Different Plant Communities Along the Lower Jinsha River ' s Water-Level-Fluctuation Zone

论文链接: <https://www.mdpi.com/2076-2607/14/3/604>

期刊名：Microorganisms

期刊主页：<https://www.mdpi.com/journal/microorganisms>

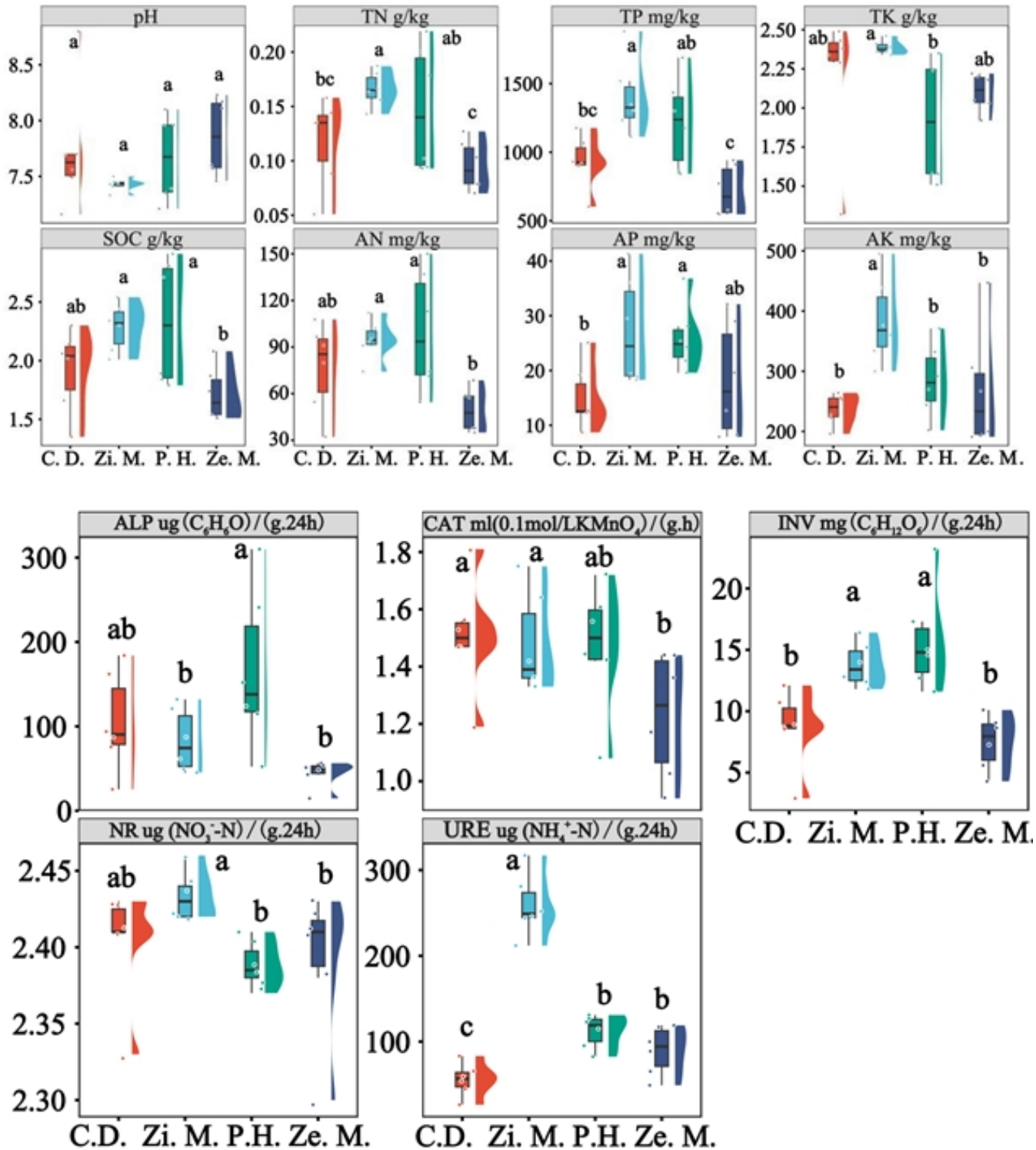
消落带（WLFZ）是一个关键生态系统，连接陆地和水域环境，其特征是由于自然和人为因素导致的周期性淹没和暴露。该动态区在能量交换中起关键作用，并作为防止污染进入水体的天然屏障。一个重大挑战是WLFZ内大面积空置栖息地的形成，这些栖息地容易被具有强扩散能力和高定殖率的植物迅速定殖。另一方面，WLFZ为人类干预提供了宝贵机会。目前，大量研究人员关注WLFZ周期性洪水的土壤养分和酶活性，而关于土壤养分、酶活性、微生物群落特性及其与WLFZ不同植物群落重要关联的研究较少。

近日，中国科学院成都生物研究所张林教授团队在 Microorganisms 期刊发表研究论文，以金沙江下游消落带中的4种植物群落（*Parthenium hysterophorus* (P. hysterophorus), *Ziziphus mauritiana* (Z. mauritiana), *Cynodon dactylon* (C. dactylon), *Zea mays* (Z. mays)）为研究对象，系统探究了土壤养分和微生物群落（尤其是细菌和真菌）变化的特性，以及它们在四个典型植物群落中微生物稳定性的驱动作用。研究揭示了消落带四种植物群落的土壤性质与酶活性存在显著差异，其中P. hysterophorus和Z. mauritiana处理的微生物多样性、群落复杂度及特定土壤因子的调控路径均不同于C. dactylon和Z. mays处理，且细菌与真菌在群落稳定性及环境响应机制上表现出明显分化。

1. 研究内容及结果

1.1 WLFZ不同植物群落下的土壤性质、酶活性及微生物OTU差异

研究发现WLFZ中四种不同植物群落的土壤性质和酶发生了显著变化，其中P. hysterophorus和Z. mauritiana的处理最终高于Z. mays和C. dactylon处理（图1）。在细菌和真菌群体中，P. hysterophorus和Z. mauritiana处理的OTU数量高于C. dactylon和Z. mays处理，LEfSe显示细菌生物标志物仅解释了顺序，而真菌生物标志物可以解释物种（图2）。



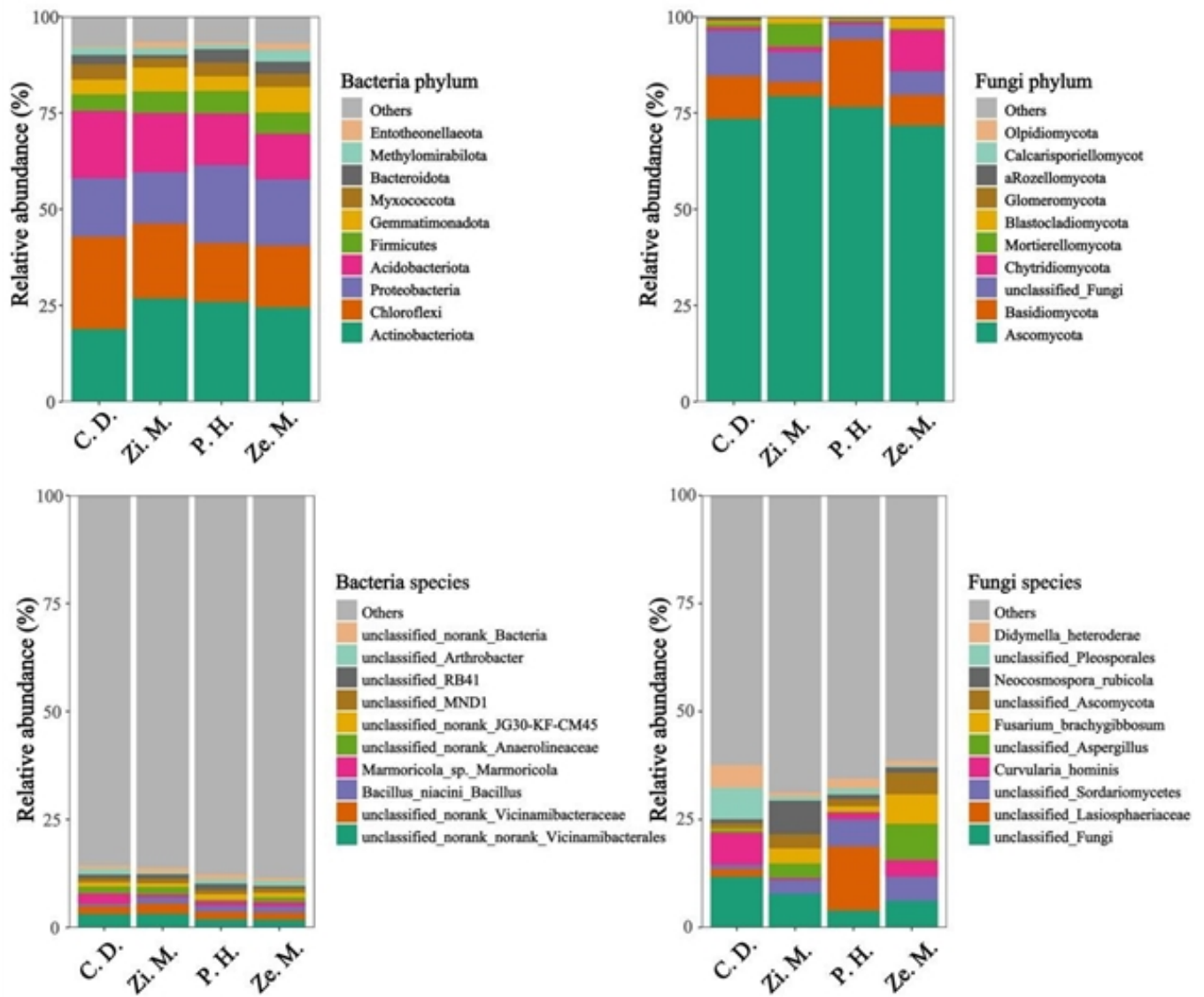


图1. WLFZ不同植物群落下的土壤性质、酶活性及微生物OTU差异

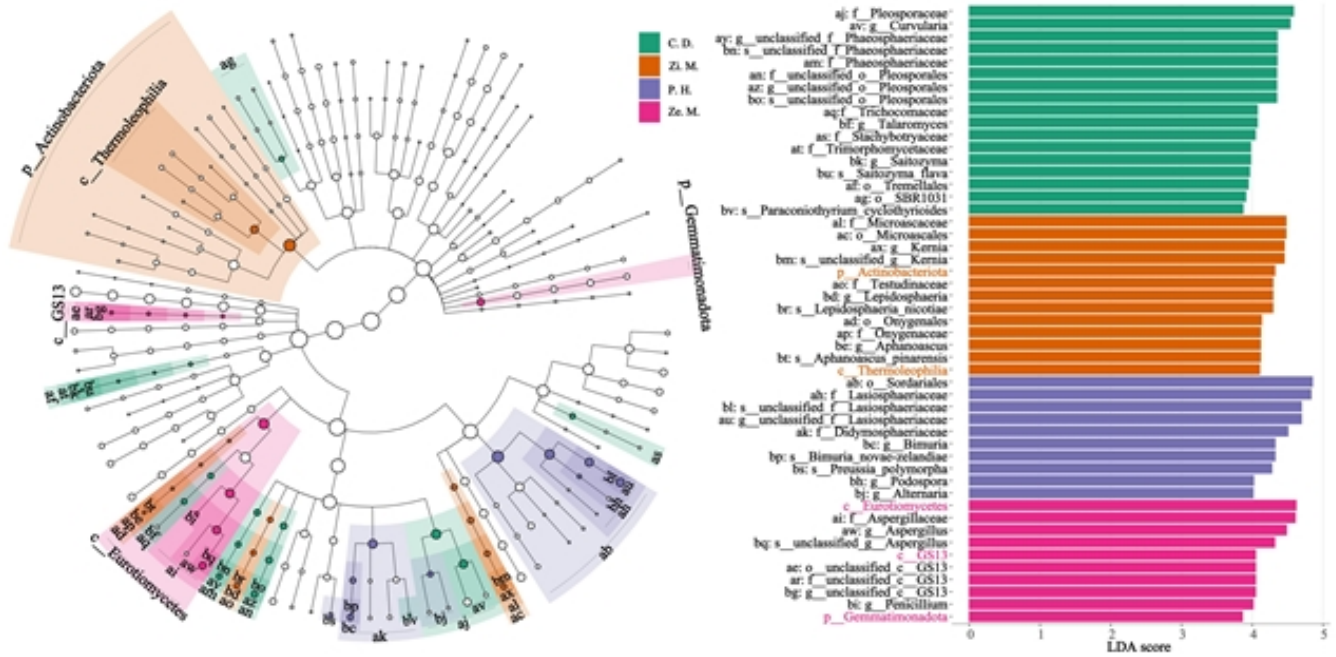


图2. WLFZ不同植物群落下细菌和真菌的LEfSe分析

1.2 关键土壤因子对不同植被类型微生物稳定性与多样性的差异化驱动机制

细菌和真菌共现网络模式表明，C. dactylon和P. hysterothorus处理的细菌群落结构比Z. mauritiana和Z. mays处理更为复杂，而C. dactylon和P. hysterothorus处理的群落稳定性明显低于Z. mauritiana和Z. mays处理（图3）。CCA结果显示，脲酶、AP、BD和ALP与四个不同菌落的细菌群落有显著相关性，BD、AN和ALP与不同菌群的真菌有显著相关（ $p < 0.05$ ）（图4）。相关分析表明，SMC和pH是显著影响四种植被类型微生物群落稳定性和多样性的关键因素，而其他土壤特性则表现出群落特异性效应。中介分析模型揭示了细菌和真菌稳定性的不同且群落特异的调控途径，表明pH是Z. mauritiana群落中主要的直接驱动因子，土壤水分在P. hysterothorus中发挥主导作用，而在C. dactylon中，细菌稳定性则间接受通过SMC变化介导的pH调节（图4）。

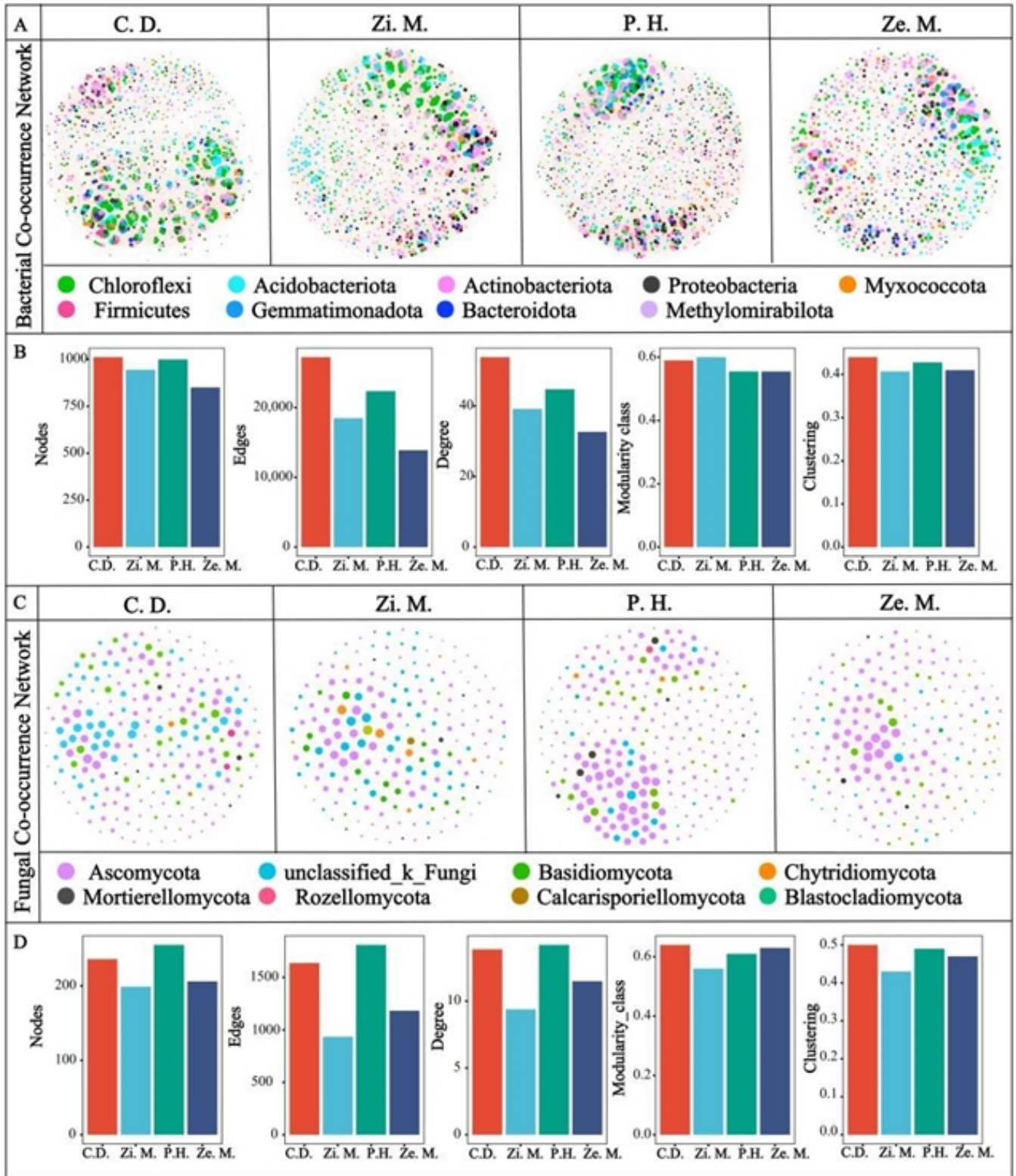


图3. WLFZ (A, C) 中四种类型不同群落中细菌和真菌模式的共现网络可视化。细菌和真菌共现模式包含五种网络拓扑, 如节点、边、度、模类和聚类 (B, D)。

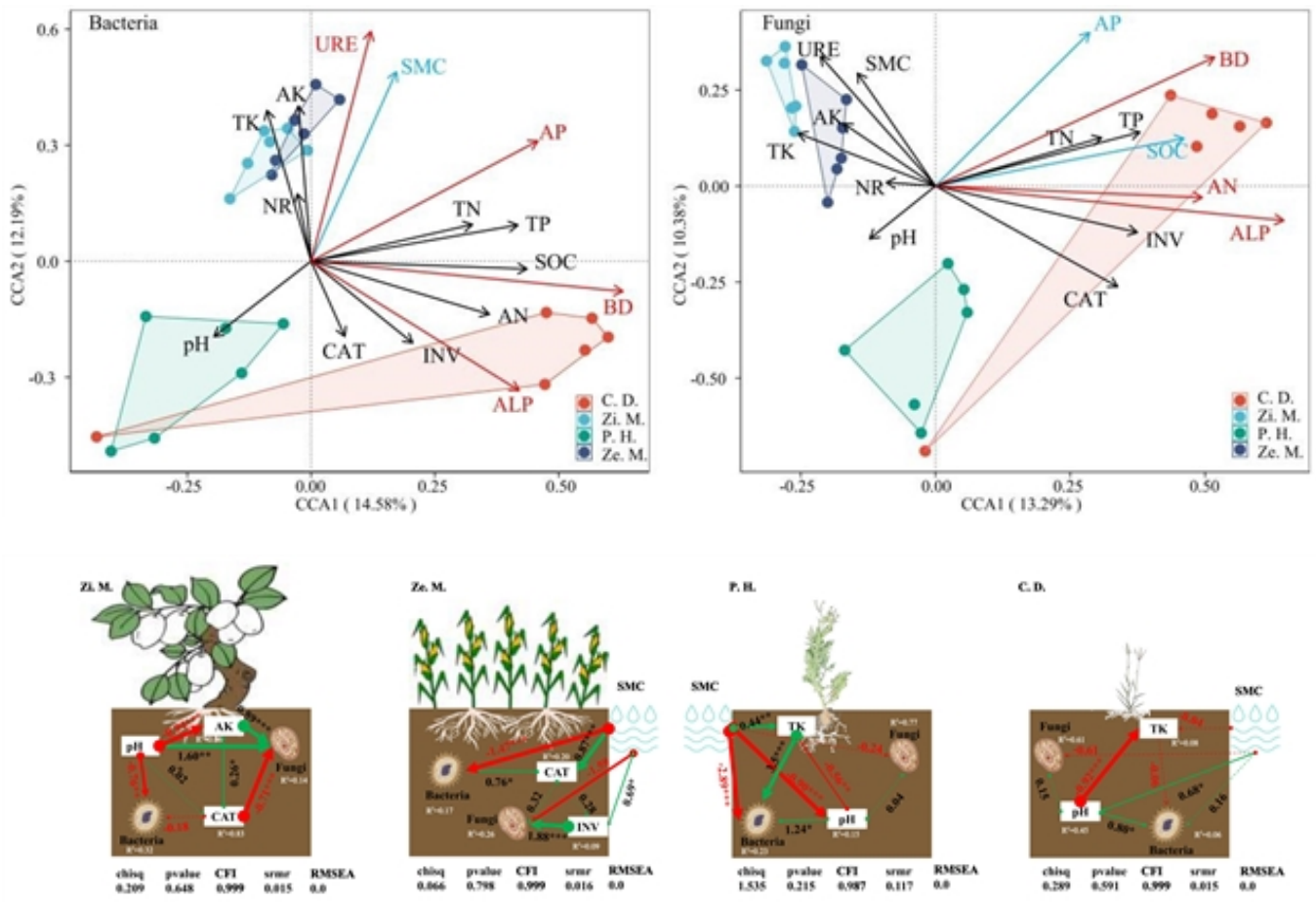


图4. WLFZ中四种类型不同群落中土壤因子与微生物多样性及稳定性的CCA分析和中介模型分析。

2. 研究总结

本研究揭示了消落带四种植物群落驱动下土壤性质、酶活性及微生物多样性的显著分化，其中 *P. hysterophorus* 和 *Z. mauritiana* 群落的微生物OTU丰富度和群落复杂度高于 *Z. mays* 和 *C. dactylon* 群落。研究进一步阐明了细菌与真菌在群落稳定性及环境响应上存在非同步机制，真菌标志物可解释至物种水平而细菌仅至目水平，进而影响了微生物共现网络稳定性。pH与土壤水分等关键因子通过群落特异性路径调控细菌和真菌的稳定性，为消落带脆弱生态系统的微生物生态管理提供了新视角。未来可通过整合植物功能型与土壤微环境因子，预测群落演替与生态功能变化。

期刊简介

Microorganisms (ISSN: 2076-2607) 是一个国际化、经同行评审的开放获取期刊，旨在为微生物学相关研究提供高水平的学术交流平台。期刊主题涵盖微生物学的各个研究领域，主要发表环境、植物、食品、肠道、医药、生物技术等相关领域的学术文章。目前期刊被SCIE (Web of Science)、PubMed (NLM)、Scopus等重要数据库收录。在2025年6月科睿唯安发布的《期刊引证报告》中，Microorganisms 位列微生物学领域二区，最新影响因子为4.2；同时，Microorganisms 在新锐分区的生物学大类分区中被评为二区。

期刊主编



Dr. Nico Jehmlich

Dr. Nico Jehmlich毕业于Leipzig University并于亥姆霍兹环境研究中心获得博士学位，自2013年起担任德国亥姆霍兹环境研究中心微生物组生物学小组组长。Dr. Nico Jehmlich拥有十五年微生物群落研究经验，专注于宏蛋白质组学技术，研究肠道微生物群。他开发了基于蛋白质的稳定同位素探针技术，助力发现独立完成完全硝化作用的细菌群，推动微生物学发展。其研究团队致力于探究化学暴露、肠道微生物与人体毒性结果间复杂关系。他计划为研究人员提供分享微生物研究成果的平台，维护同行评审高标准，鼓励跨学科合作，提升期刊全球影响力。

Microorganisms期刊介绍

主编：Nico Jehmlich, UFZ-Helmholtz Centre for Environmental Research, Germany

期刊主题涵盖微生物学的各个研究领域，主要发表环境、植物、食品、肠道、医药、技术等微生物相关领域的学术文章。现已被SCIE (Web of Science)、PubMed (NLM)、Scopus等重要数据库收录。

2024 Impact Factor 4.2 2024 CiteScore 7.7 Time to First Decision 20 Days Acceptance to Publication 2.9 Days

欢迎订阅Microorganisms期刊最新资讯：

<https://www.mdpi.com/journal/microorganisms#journal-alerts>

来源：Microorganisms

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](http://www.iikx.com)转发