
昆明动物所在温泉微生物多样性分布研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/4216.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！

昆明动物所在温泉微生物多样性分布研究中取得进展。微生物菌群的时空分布系生物地理学核心内容，也是目前微生物生态研究的热点课题。近日，中国科学院昆明动物研究所“计算生物与医学生态学”课题组博士生李连伟应用“多样性-面积”模型(DAR模型：Diversity-Area Relationship)，重新分析了加拿大学者收集全球160多处温泉的宏基因数据(Sharpe et al. 2014, the ISMEJ)，首次建立温泉微生物多样性变化的生物地理模型，并从中揭示了一些重要发现，特别是首次发现细菌和古菌在空间异质性方面的显著差别。细菌和古菌在系统生物学“分界”已经超过半个多世纪，但对于他们在生物地理学分布的差异研究并不多见。其主要原因是，在宏基因测序技术大量采用之前，要进行大规模、全球规模的微生物物种分布调查并不现实。因此，该研究为进一步研究细菌和古菌在生态适应方面的差异具有重要意义。同时，该研究所建立的一系列数学模型本质上勾画出了温泉微生物多样性分布最重要的特征“地图”(Biogeographic maps)。

该研究采用的“多样性—面积”DAR模型来自于昆明动物所研究员马占山近年来对于经典“物种—面积关系”(SAR：Species Area Relationship)的一系列扩展。SAR模型有上百年历史，被广泛认为是生物地理学和保护生物学最重要的理论模型之一。马占山采用以Renyi熵为基础推导出来的“希尔数”(Hill Numbers)作为通用的“多样性指数”取代SAR模型中的“物种数”，从根本上解决了传统SAR存在的一些缺陷。并根据幂法则所具备的尺度恒定理论(Scale-Invariance)推导出了另外三项重要参数：多样性重叠参数(PDO: Pair-wise Diversity Overlap)、累计多样性最大值(MAD: Maximal Accrual Diversity)，以及“局部-地区(全球)”(LRD/LGD: Local to Regional/Global Diversity)比率参数。这些参数可以用来构建前文提到的生物多样性分布的特征地图。

应用“多样性—面积关系”DAR模型对温泉中古菌和细菌数据分析，比较了古菌和细菌的空间分布模式，发现古菌总体比细菌总体的空间分布异质性更高，而古菌的主要物种分布空间异质性比细菌主要物种低。多样性重叠参数(PDO)显示高阶多样性在区域之间的重叠度更高，即高阶多样性的空间异质性更低。通过累计多样性最大值(MAD)估计出温泉中古菌近8400种，细菌多达55000多种，是古菌的6倍。LGD揭示，平均水平上，单一温泉所含有的古菌仅占全球范围所有温泉中所含古菌的1.25%，细菌约占全球范围的1.52%，这也是环境微生物空间分布高度异质性的佐证。这些关于温泉微生物多样性分布特征的参数都是首次揭示。

该研究成果以Global Microbiome Diversity Scaling in Hot Springs With DAR (Diversity-Area Relationship) Profiles为题，发表在Frontiers in Microbiology上，李连伟为文章的第一作者，马占山为文章的通讯作者。

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