



---

# 读书报告

---

汇报人：程利娇

时间：2018.10.14

---



RESEARCH

Open Access



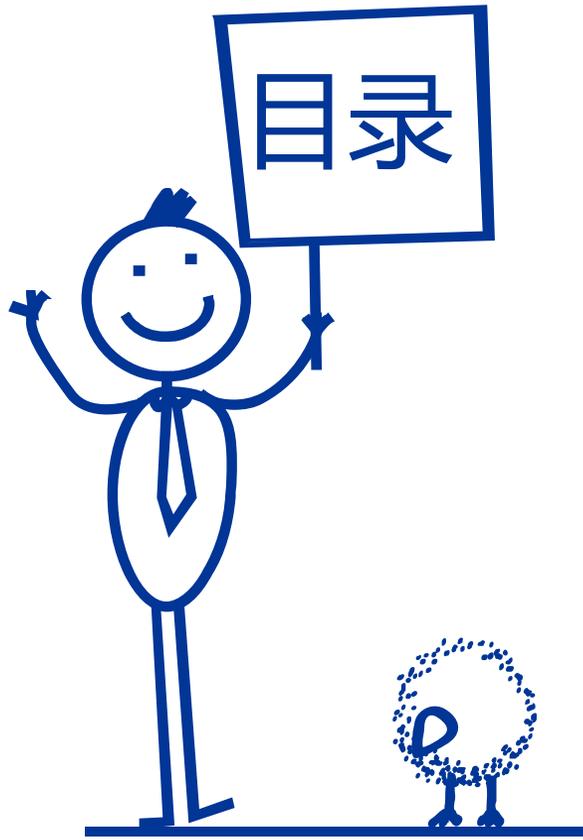
# Soil microbiomes with distinct assemblies through vertical soil profiles drive the cycling of multiple nutrients in reforested ecosystems

Shuo Jiao<sup>1,2</sup>, Weimin Chen<sup>1\*</sup>, Jieli Wang<sup>1</sup>, Nini Du<sup>1</sup>, Qiaoping Li<sup>1</sup> and Gehong Wei<sup>1\*</sup>

土壤微生物群落通过垂直的土壤剖面促进退耕还林生态系统中多种养分的循环。

**IF: 9.133**





## 1. Introduction



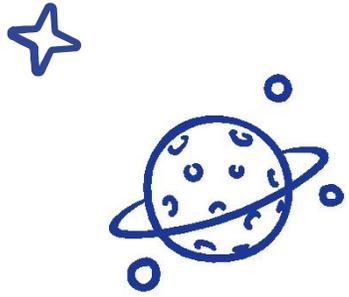
## 2. Materials and methods



## 3. Results and discussion



## 4. Conclusions



---

# PART 01

## **Introduction**

---



# Introduction



目前，由于人类活动加剧，农业集约化严重，温室气体的排放增加，农药积累等因素导致土壤退化，生产力降低。

退耕还林是最有效的恢复策略之一，可恢复自然生态系统功能和土壤特性。由于**土壤微生物**是陆地生态系统的主要组成部分，因此在自然生态系统的长期恢复过程中确定其群落动态的时间变化及其对土壤生态恢复的贡献至关重要。

# Introduction



土壤微生物群落对生态系统的功能至关重要，如参与土壤养分的生物地球化学循环，在土壤的形成，污染物的生物降解以及地下水的维护等方面发挥潜在的重要作用。

目前研究主要集中于地表或者土壤深度为0-100cm。相比之下，人们对地下土壤微生物组成和性质以及如何响应自然生态系统的恢复过程知之甚少，特别是在较深的土壤剖面（即100-300cm）。

# Introduction



众所周知，植物的根会向周围环境释放分泌物和黏液，经常形成相关的土壤微生物群落。此外，这些植物相关的微生物能够影响许多关键的生态系统功能，例如植物获取养分和地上及地下群落之间的物质循环。

然而，目前尚不清楚不同的微生物类群对地下生态系统中多种养分循环的贡献，尤其是在退耕还林地的生态恢复过程中。

# Introduction

## 研究方法:

10、20、30年，退耕还林自然恢复的土地。（可耕地——重造林）  
正常的耕地。

研究土壤细菌，古菌和真菌沿垂直（即土壤深度为0-300厘米）和水平（即距离树木为30-90厘米）的森林微生物群落，代表30年期间发生的自然恢复过程。



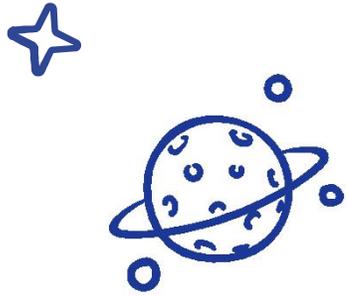
# Introduction

## 研究目的:

在生态系统**退耕还林**自然演替**连续发展**的过程中, 研究土壤微生物群落在水平及土壤垂直地下剖面多种养分循环的贡献。

## 研究意义:

该研究可以在良好的**空间尺度**上为土壤微生物群落对重造林的垂直响应提供一个完整的视角, 尤其是在地下陆地生态系统中, 进一步说明微生物群落在**土壤养分循环**中发挥的重要作用。



## PART 02



# Materials and methods



# Materials and methods

## 01. Ex-arable land chronosequence



**样点:** 位于陕西省中国黄土高原的南部。

**土壤:** 黄土土壤主要为淤泥土，深度低至50米。

**气候:** 温暖的半湿润温带地区，属大陆性季风气候。  
平均气温和年降水量分别为 $12.7^{\circ}\text{C}$ 和 $580\text{mm}$ 。



# Materials and methods



## 01. Ex-arable land chronosequence

该位置用于农业用途的历史约50多年，小麦和玉米等农作物轮作。这些田地在不同的时间点开始退耕还林，10年，20年和30年的森林因此在不同的样点形成。

黑刺槐 (*Robinia pseudoacacia*) 是所有地点的主要树种。在重造林的附近地点选择了种植小麦和玉米的耕地区域。

**Table S1** Coordinates of the 43 sampling sites corresponding to the chronosequence of reforestation sites in the ex-arable land.

<i>Topological feature</i>	<i>Longitude</i>	<i>Latitude</i>	<i>Altitude</i>
Arable land	E107°55'50"	N34°33'18"	1058
10-year forest	E107°55'33"	N34°33'24"	1160
20-year-Forest	E107°55'32"	N34°33'42"	1138
30-year-Forest	E107°55'17"	N34°33'41"	1146

# Materials and methods

## 02. Sample collection

**耕地区域：**选择了三个相距500米的样点。

**重造林区域：**选择了三个不同年份（10,20和30年）的重造林样点。

在每个样点内，选三个采样点，并在每个采样点随机选三棵树。在每棵树的周围，以30厘米，60厘米和90厘米的距离为半径，采集5个样本（这5个样本合成1个混合样本），即每棵树15个样本，3个混合样本。

300厘米深的垂直剖面收集土壤子样本，其对应于0-10,10-20,20-40,40-60,60-80,80-100,100-150,150-200,200-250和250-300cm的深度。

**总共获得：** 3次重复×10次深度（耕地）+ 3次重复×3次半径（3个混合样本）×10次深度×3次年龄（森林）=300个土壤样品。

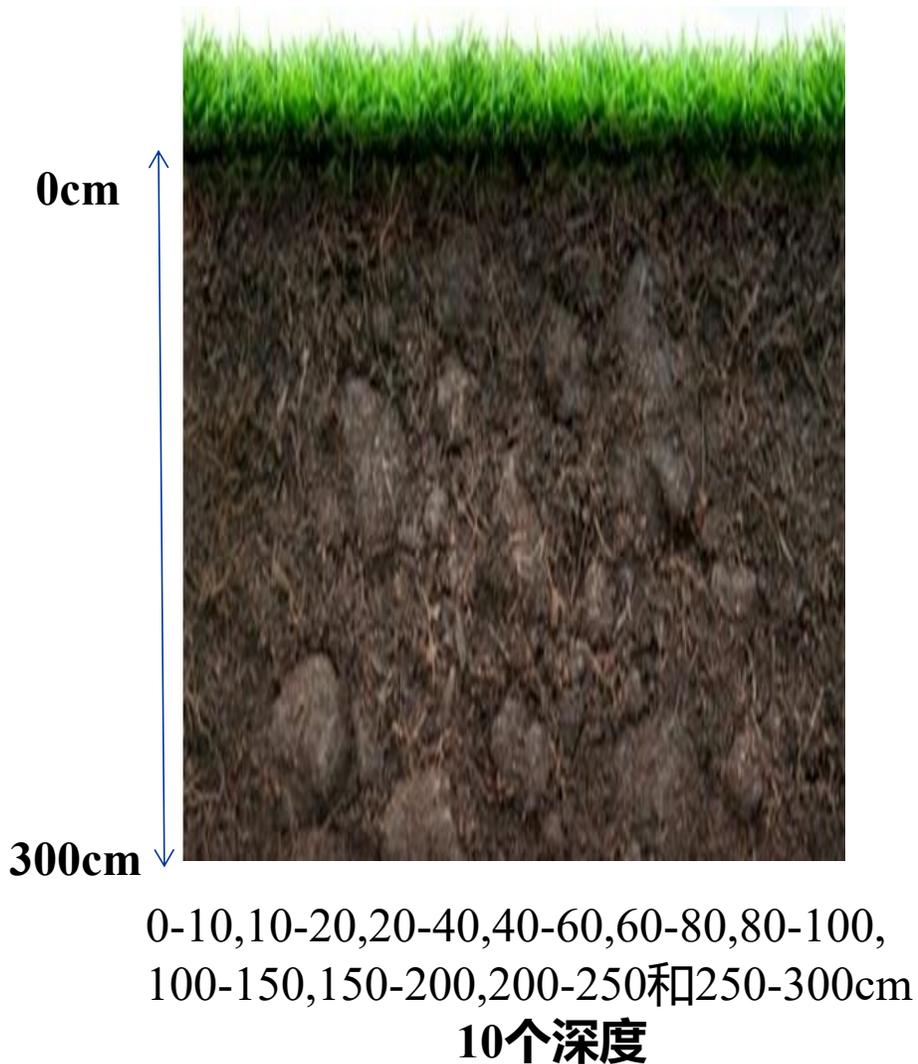
# Materials and methods

## 02. Sample collection

**耕地区域：** 选择了三个相距500米的样点。



**耕地：** 3次重复×10次深度=30个样本



# Materials and methods

## 02. Sample collection

**重造林区域：** 选择了三个不同年份（10,20和30年）的重造林样点。



10年



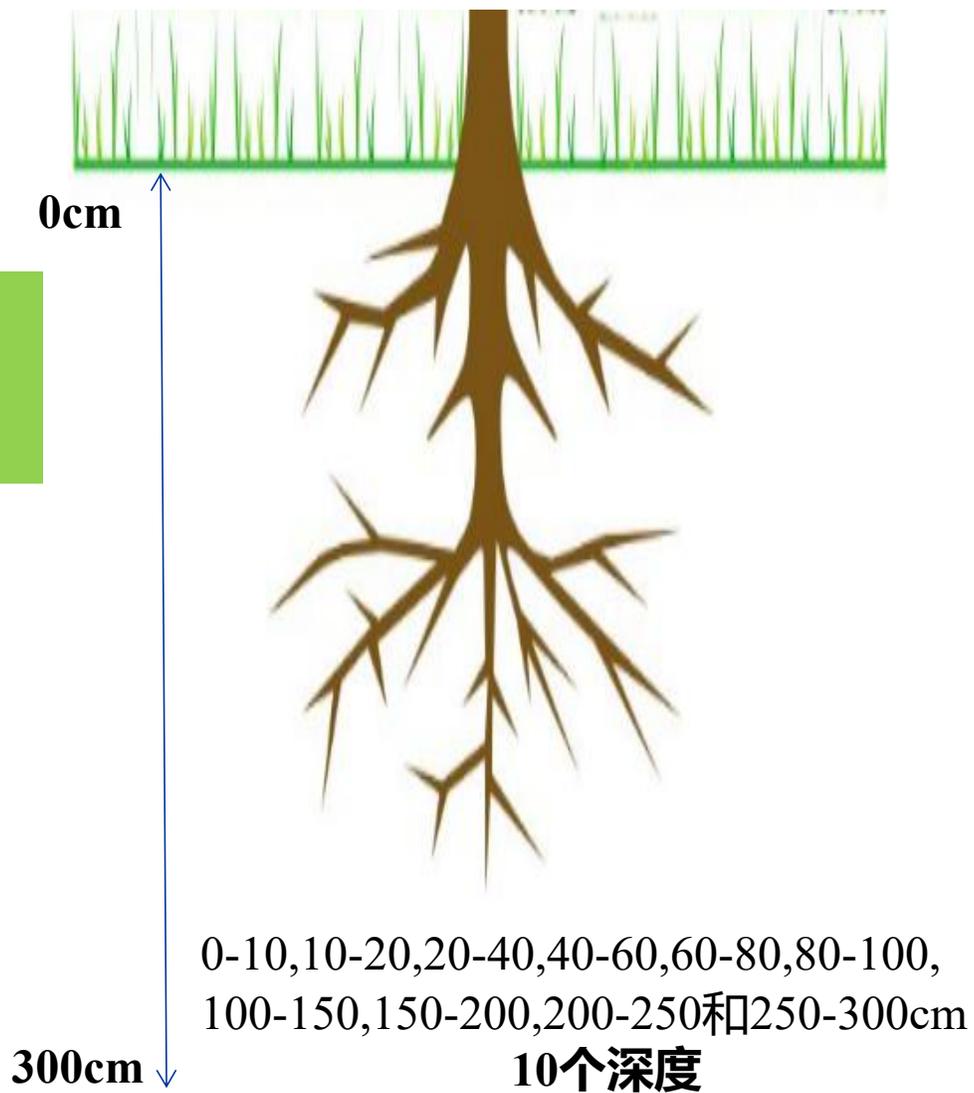
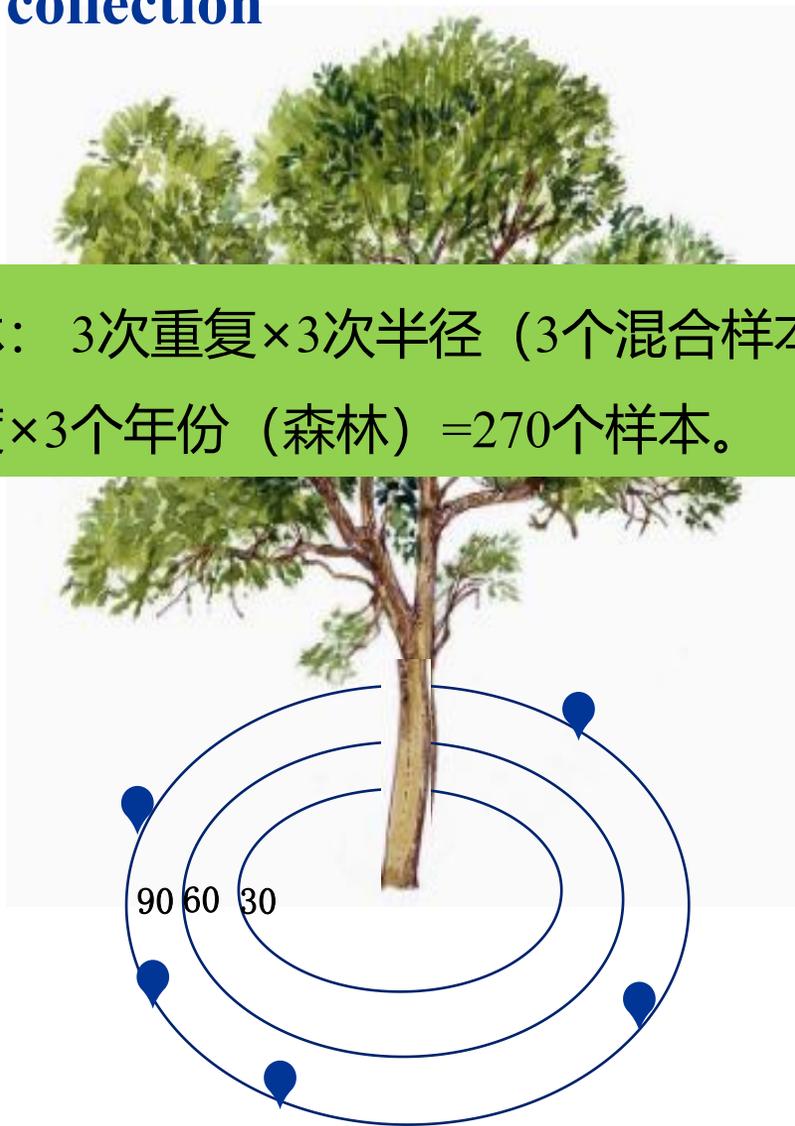
30年

# Materials and methods

## 02. Sample collection

重造林区域:

重造林: 3次重复×3次半径 (3个混合样本) ×10次深度×3个年份 (森林) =270个样本。



# Materials and methods

## 03. extraction, PCR, and high-throughput sequencing

土壤基因组DNA的提取：**MP FastDNA试剂盒** (MP Biomedicals, Solon, OH, USA)

16S rRNA基因区域的扩增：用于古细菌和细菌，以及ITS1基因的真菌区域。

**古菌引物**：Arch519F (CAGCCGCCGCGGTAA) , Arch915R (GTGCTCCCCCGCCAATTCCT) 。

**细菌引物**：515F (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA) , 907R (CCGTCAATTCCTTTGAGTTT) 。

**真菌ITS1基因引物**：ITS5-1737F (GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG) , ITS2-2043R  
(GCTGCGTTCTTCATCGATGC) 。

# Materials and methods

## 04. Statistical analyses

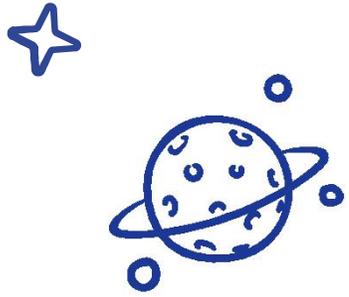
所有统计分析均用R语言中进行处理 (v3.2.2; <http://www.r-project.org/>) 。

**$\alpha$ 多样性:** OTU丰富度和Shannon-Wiener指数

**$\beta$ 多样性:** 样本之间的Bray-Curtis距离

比较来自可耕地再造林期间土壤细菌, 古菌和真菌的 $\alpha$ 多样性: 线性混合效应 (LME) 模型

不同年份的重新造林土壤相关的重要分类差异: 使用典型判别分析 (CDA) 来确定。



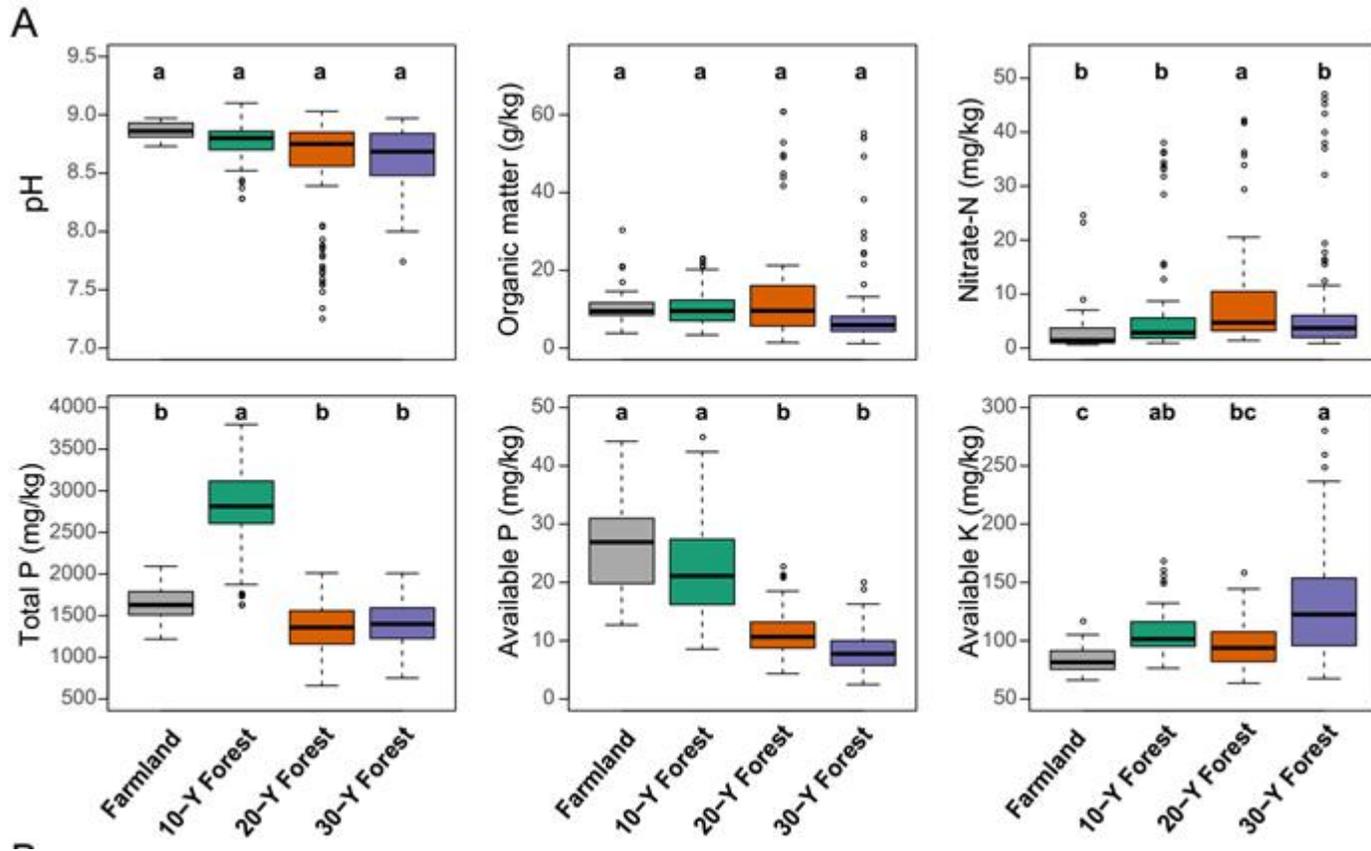
## PART 03

# Results and discussion



# Results and discussion

## 01. 耕地-重造林土壤性质的变化



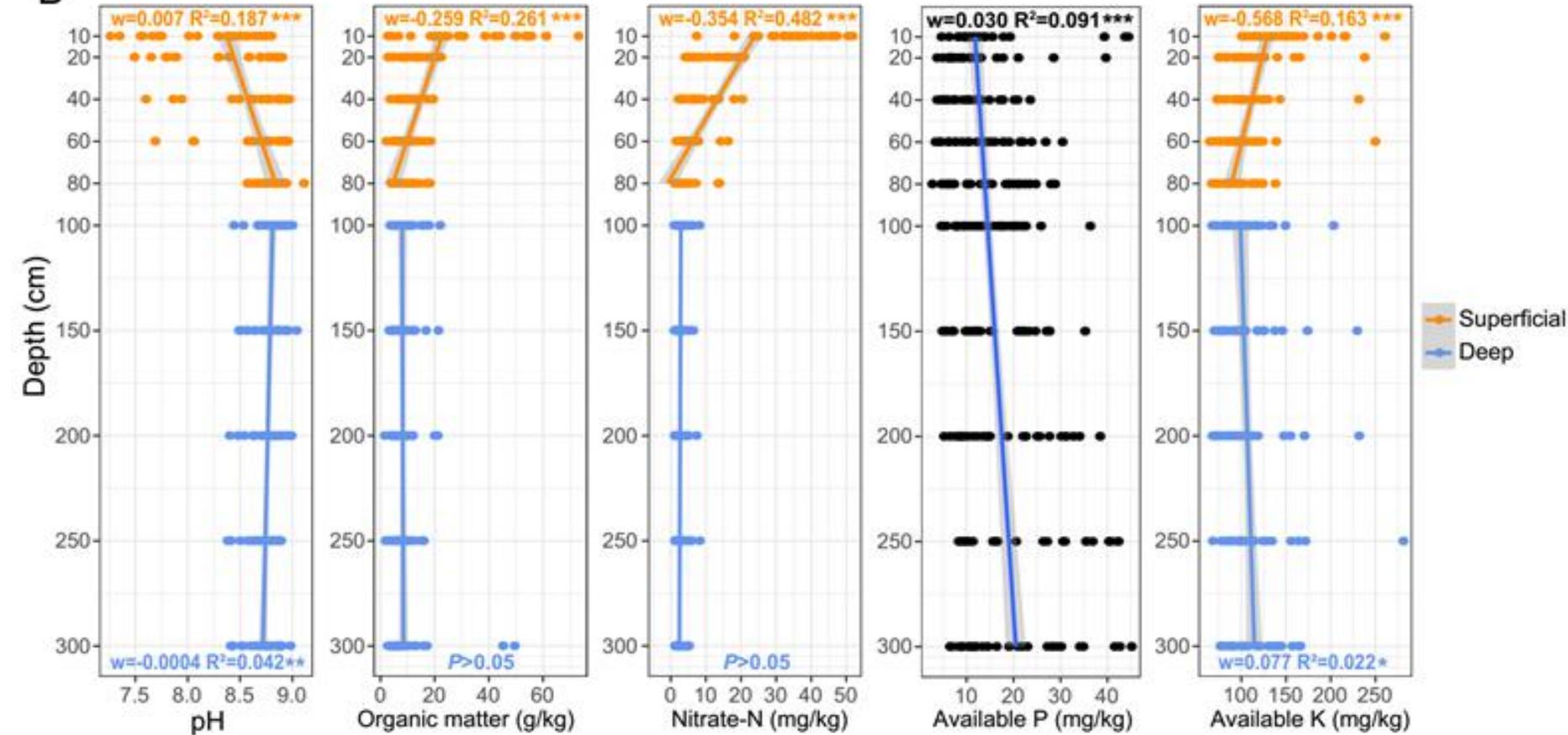
有效磷 (AP) 从耕地到30年再造林土壤显著减少, 而耕地和重造林土壤的pH值和有机质 (OM) 相似。

重造林的土壤硝态氮 ( $\text{NO}_3^-$ -N) 和有效钾 (AK) 含有显著高于耕地, 并且10年再造林土壤中的总磷 (TP) 达到顶峰。

# Results and discussion

## 01. Vertical variation in soil properties during reforestation of the ex-arable land

B



pH值:

表层: 随深度增加显著增加,  
深层: 则略有下降。

OM和NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N:

表层显著减少, 深层无变化。

AK:

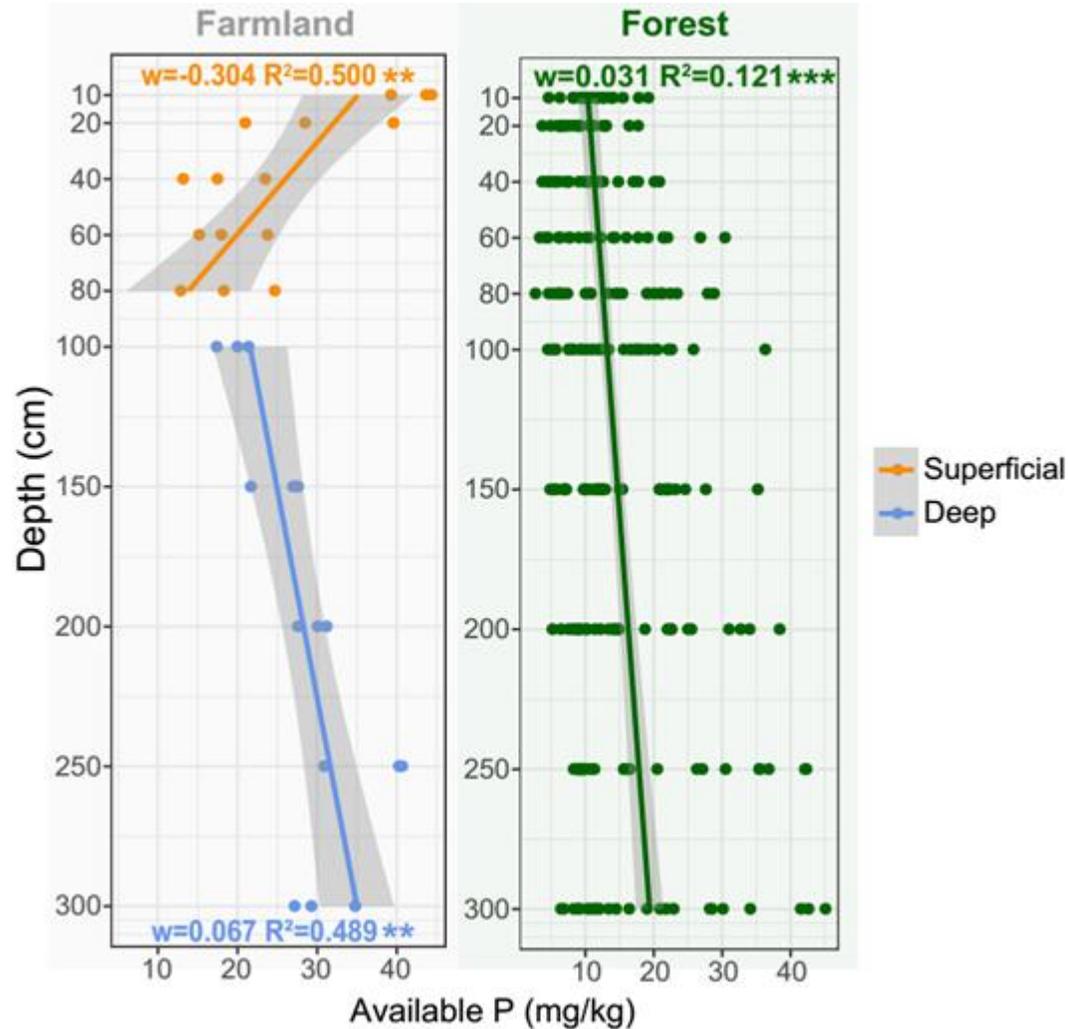
表层显著减少, 深层增加。

AP:

在整个剖面中显著增加。

# Results and discussion

## 01. Vertical variation in soil properties during reforestation of the ex-arable land



AP:

耕地:

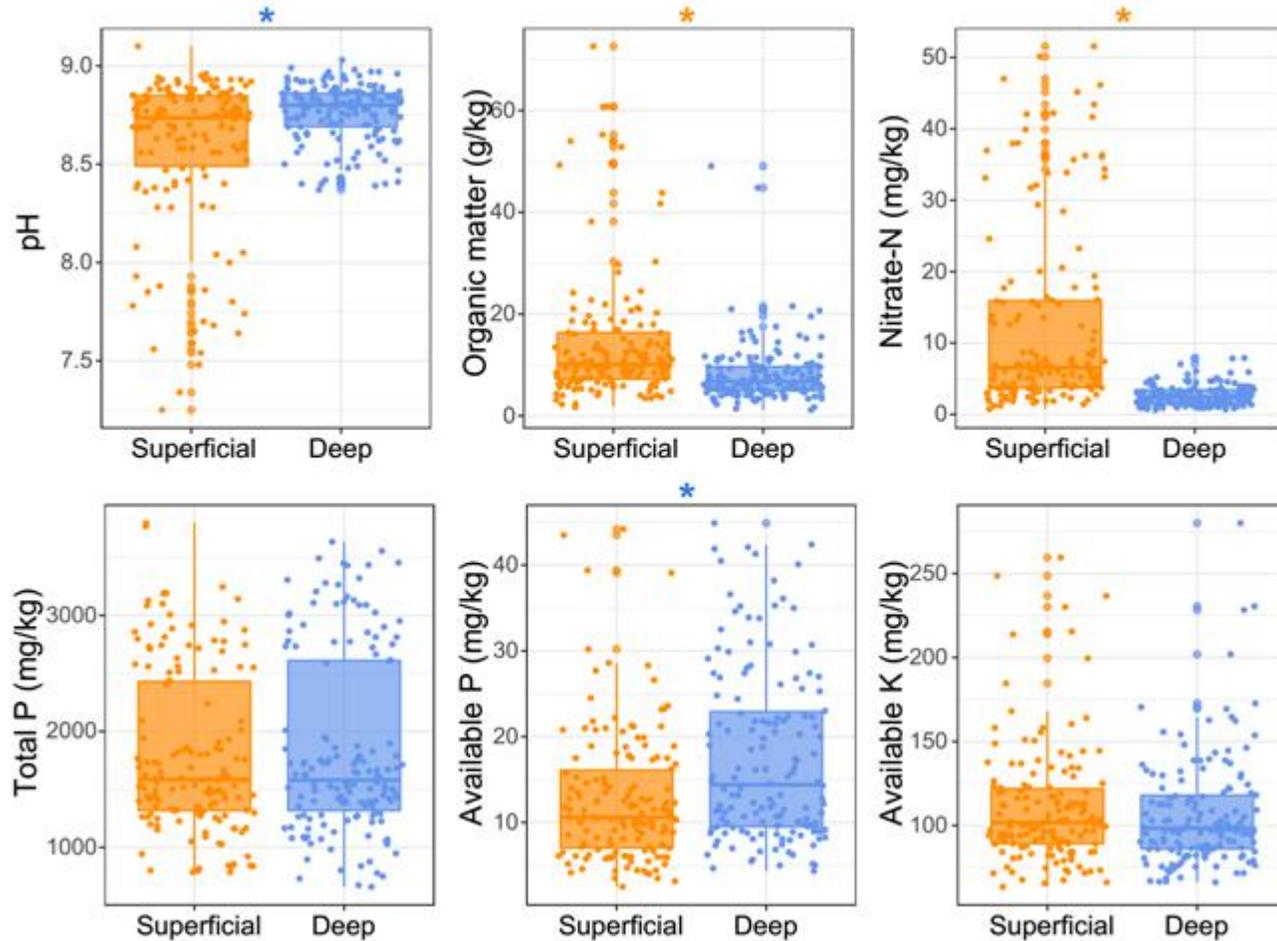
表层: 减少, 深层: 增加。

重造林:

随土壤深度增加AP浓度一直增加。

# Results and discussion

## 01. Vertical variation in soil properties during reforestation of the ex-arable land



耕地和重造林表层和深层土壤性质的变化：  
表层中的pH和AP显著低于深层，  
OM和NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N表层高于深层。

# Results and discussion

## 02. 土壤微生物群落在短距离范围内的时空分布格局

获得了总共18,852,624, 18,631,178和22,214,132个高质量细菌, 古菌和真菌序列, 以97%为阈值, 共被分为17,687, 10,892和17,347个OTU。

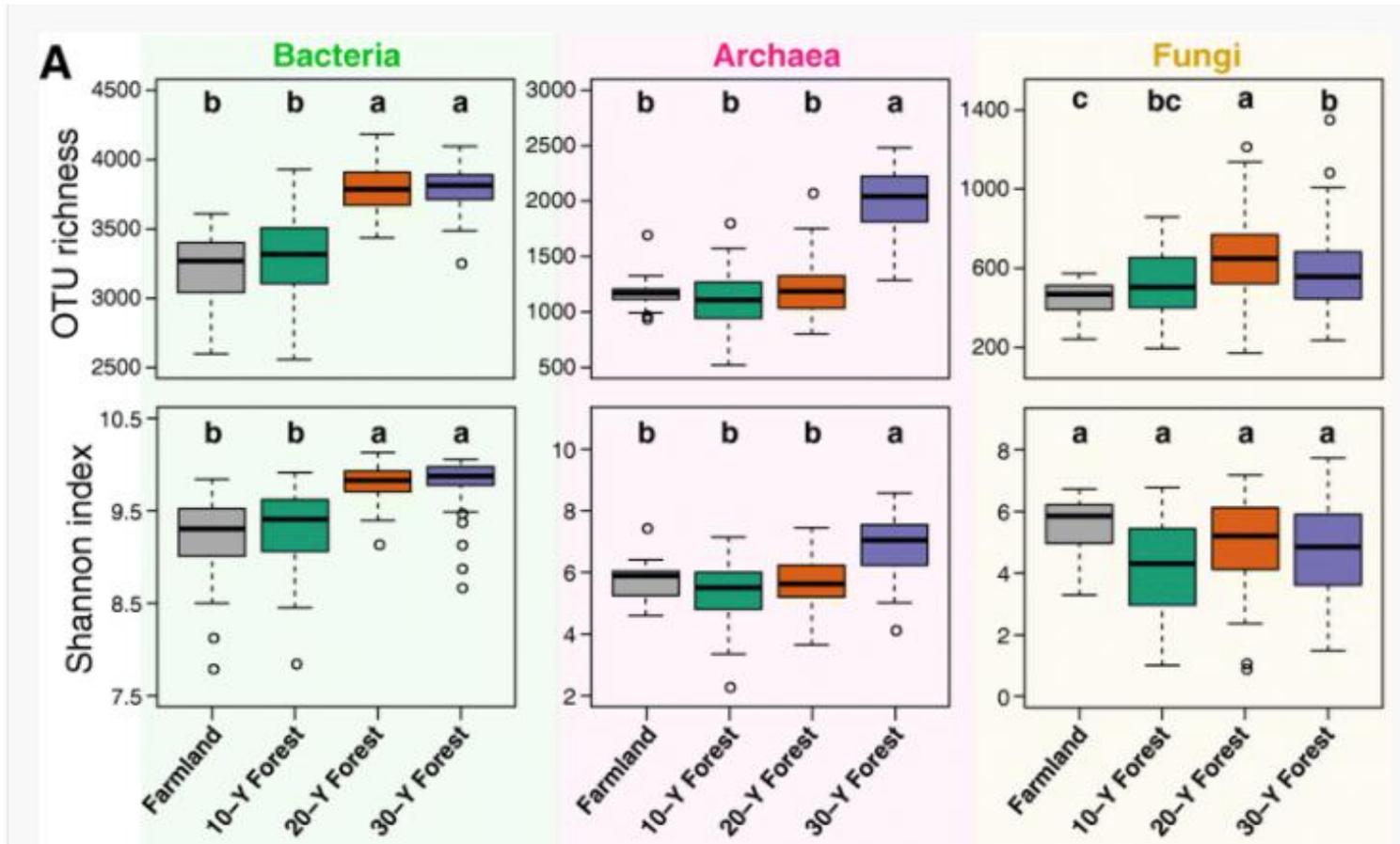
**细菌**主要由Proteobacteria (28.9%) , Actinobacteria (19.0%) , Acidobacteria (16.7%) , Chloroflexi (8.7%) 和Nitrospirae (5.8%) 五个门组成。

**古菌**主要属于Thalamarchaeota (53.8%) 和Euryarchaeota (3.5%) 门。

最丰富的**真菌门**是子囊菌门 (48.7%) , 担子菌门 (44.1%) 和接合菌门 (5.4%) 。

# Results and discussion

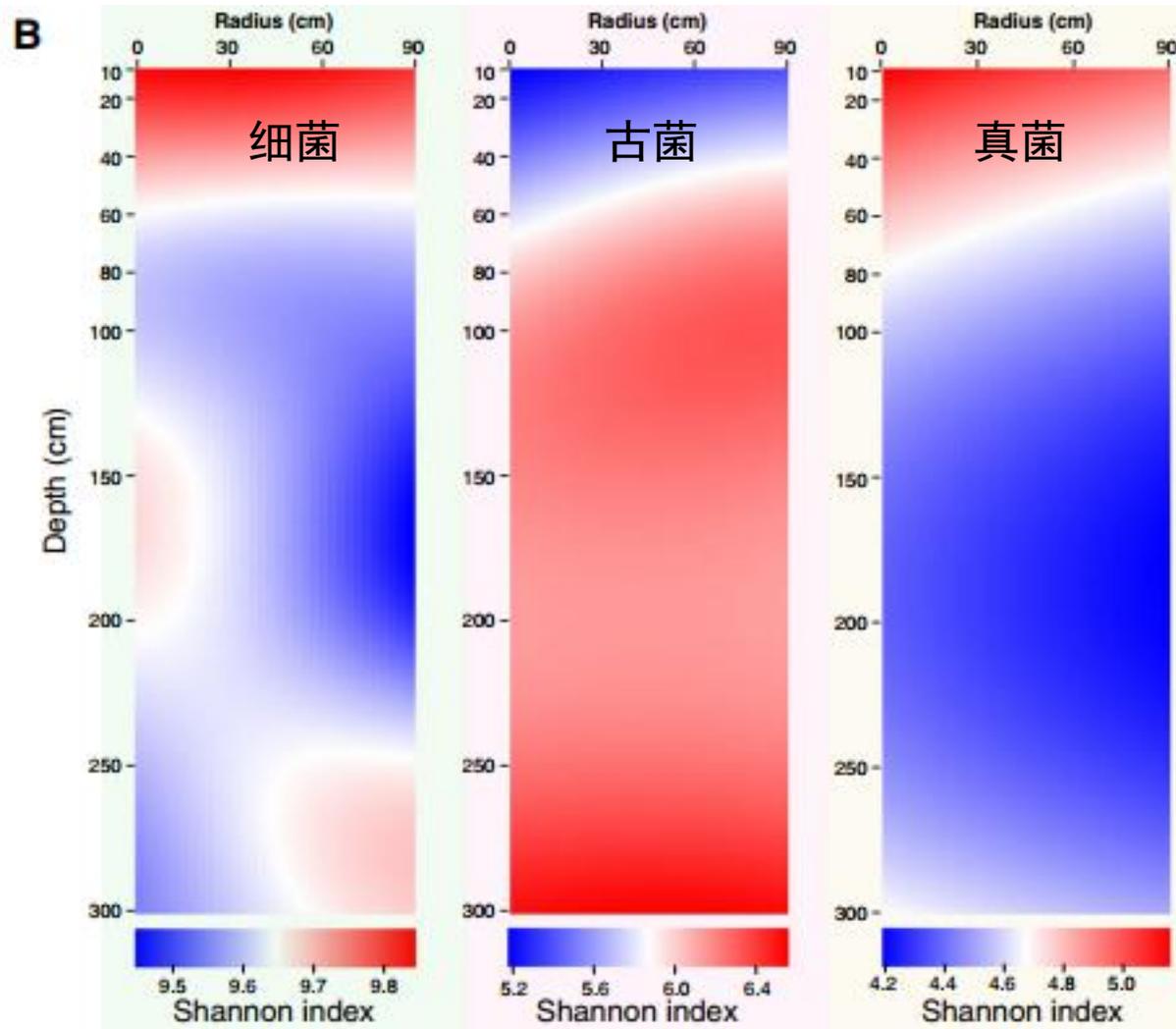
## 02. Temporal and spatial distribution patterns of soil microbiomes at fine scale



除真菌Shannon指数外，  
重造林土壤细菌，古菌  
和真菌的 $\alpha$ -多样性均高于耕地。

# Results and discussion

## 02. Temporal and spatial distribution patterns of soil microbiomes at fine scale



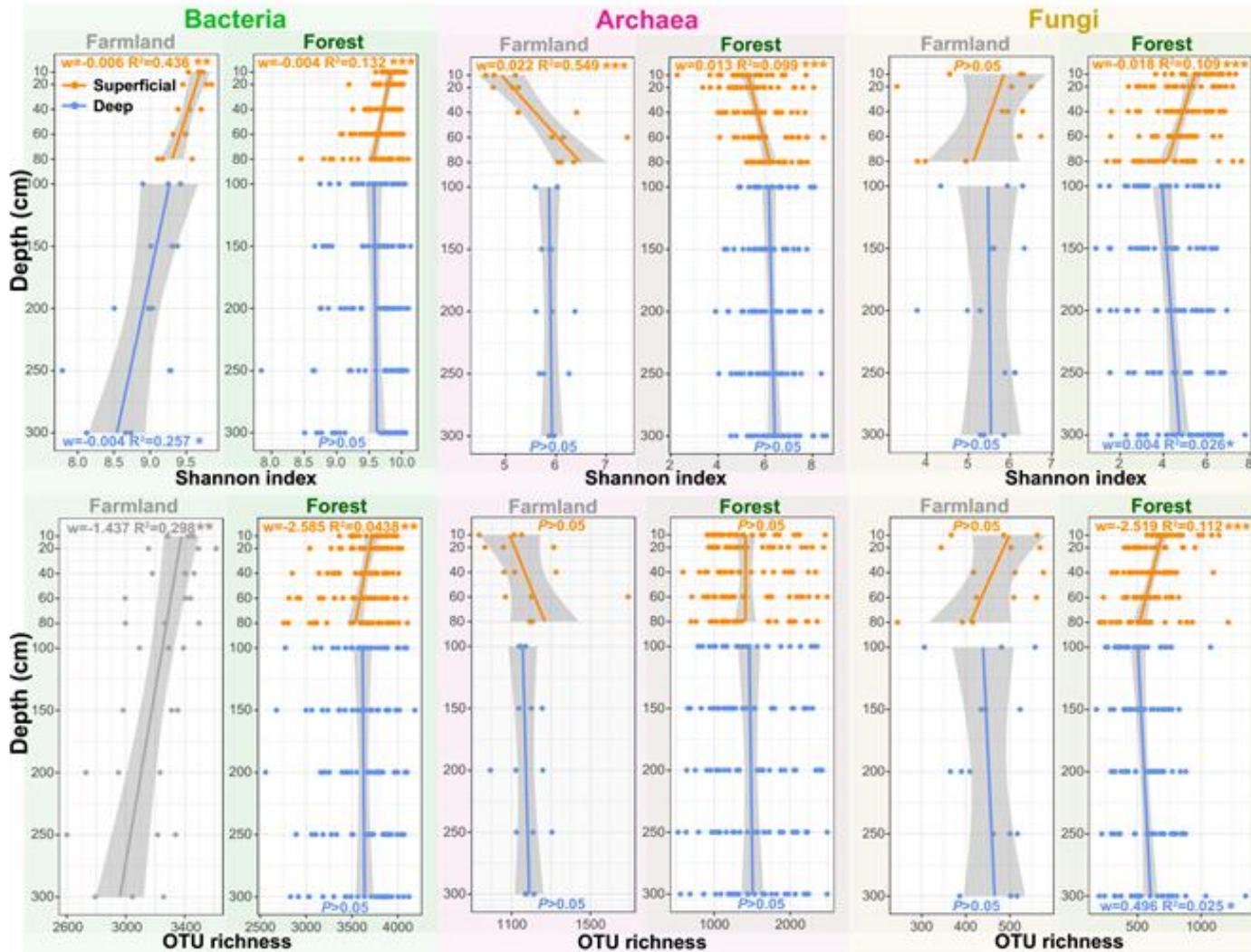
重造林树木周围（不同半径）土壤中细菌，古菌和真菌群落的Shannon指数的垂直和水平空间分布：

从蓝色到红色的颜色强度与香农指数的值从小到大成比例。

在重造林的土壤中，细菌和真菌随着表层中土壤深度的增加多样性减少，而古菌多样性而增加（图B）。

# Results and discussion

## 02. Temporal and spatial distribution patterns of soil microbiomes at fine scale



耕地和重造林土壤深度之间土壤细菌，古菌和真菌的 $\alpha$ -多样性的变化：

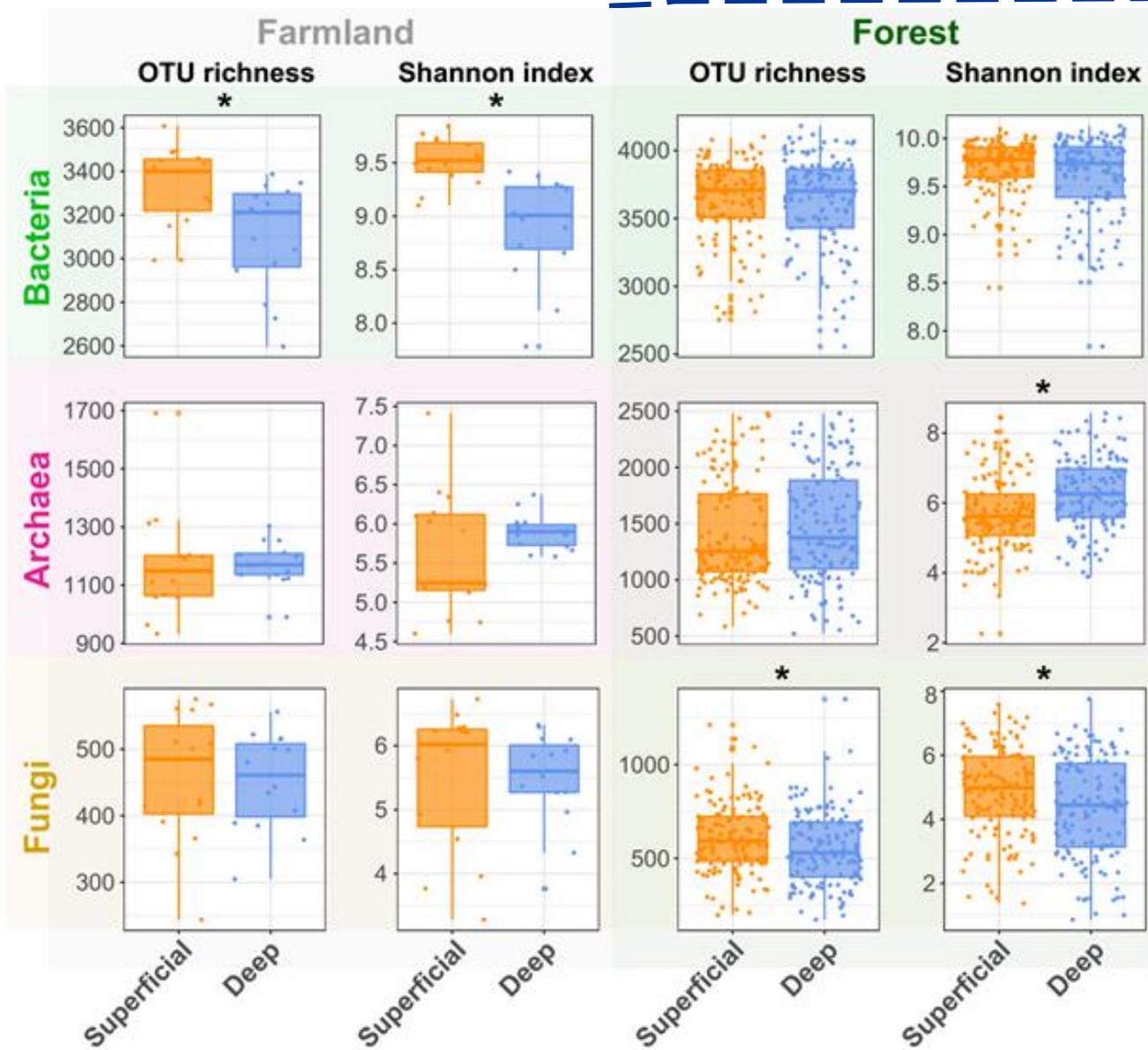
**Bacteria:**

耕地：深度增加， $\alpha$ 多样性下降  
重造林：仅表层。

**Fungi:**

耕地： $\alpha$ 多样性无显著性变化  
重造林：随深度增加， $\alpha$ 多样性指数先下降后上升。

# Results and discussion



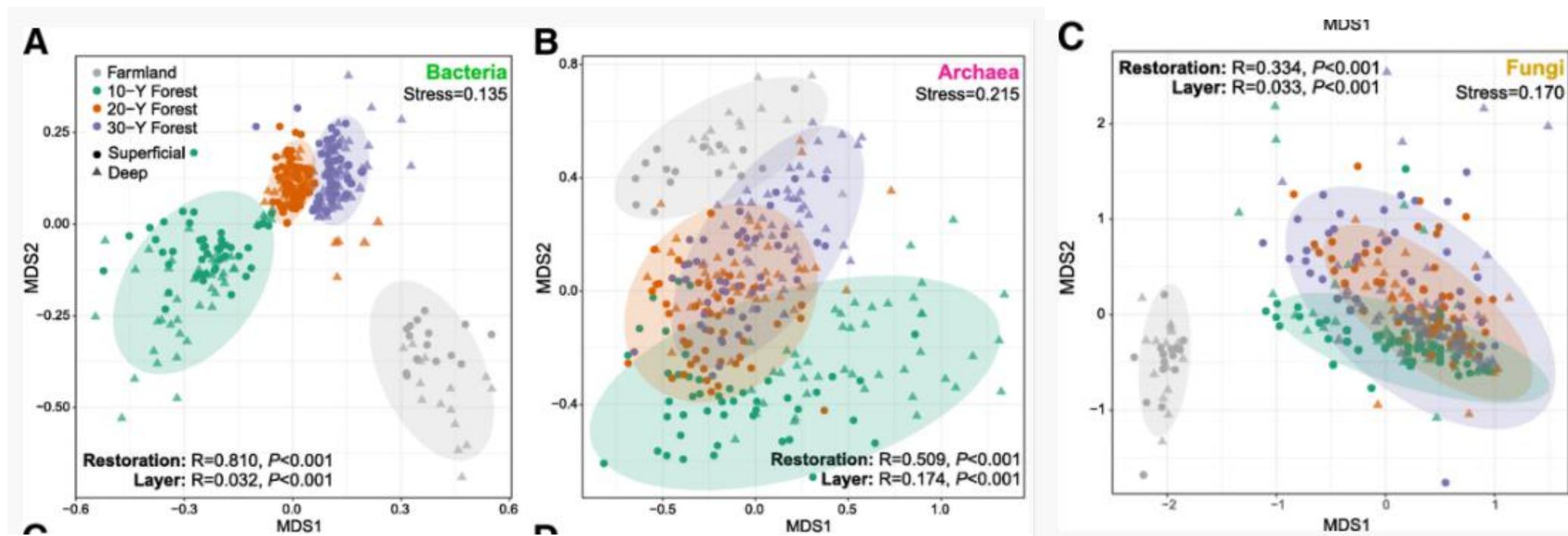
omes at fine scale

- a. 耕地表层细菌多样性显著高于深层，重造林无此现象。
- b. 古菌和真菌的多样性则出现相反的趋势。

# Results and discussion

## 02. Temporal and spatial distribution patterns of soil microbiomes at fine scale

### 非度量多维尺度 (NMDS) 分析

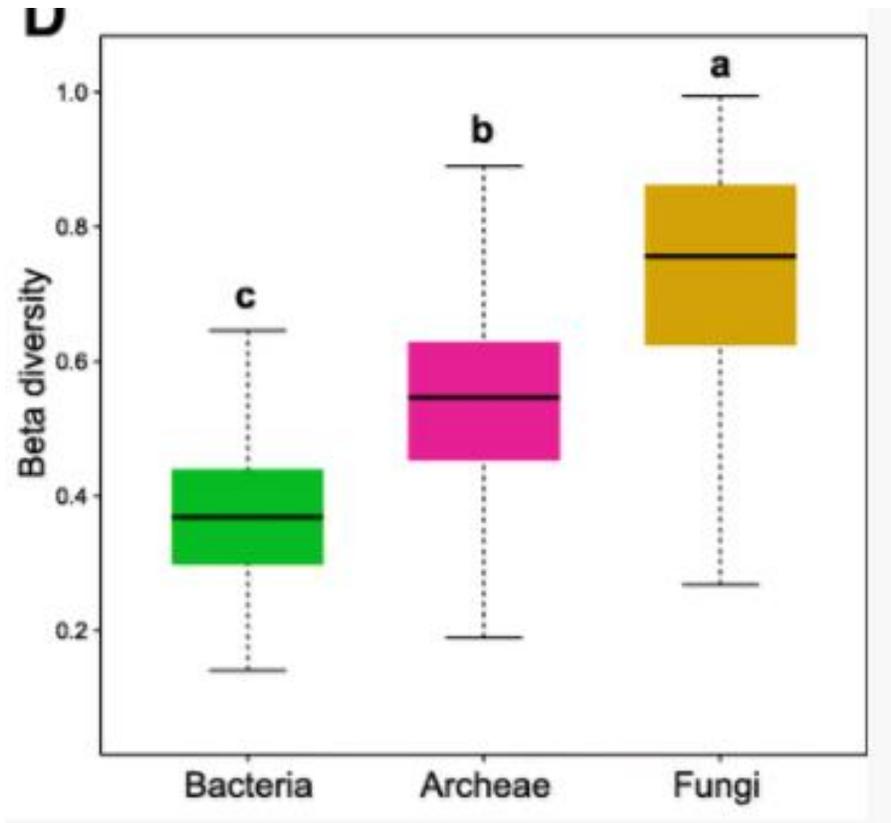


耕地和不同重造林年份的土壤样本在排序空间形成了不同的聚类。

细菌群落受可耕地重新造林的影响更大，古菌群落对土壤深度更敏感。

# Results and discussion

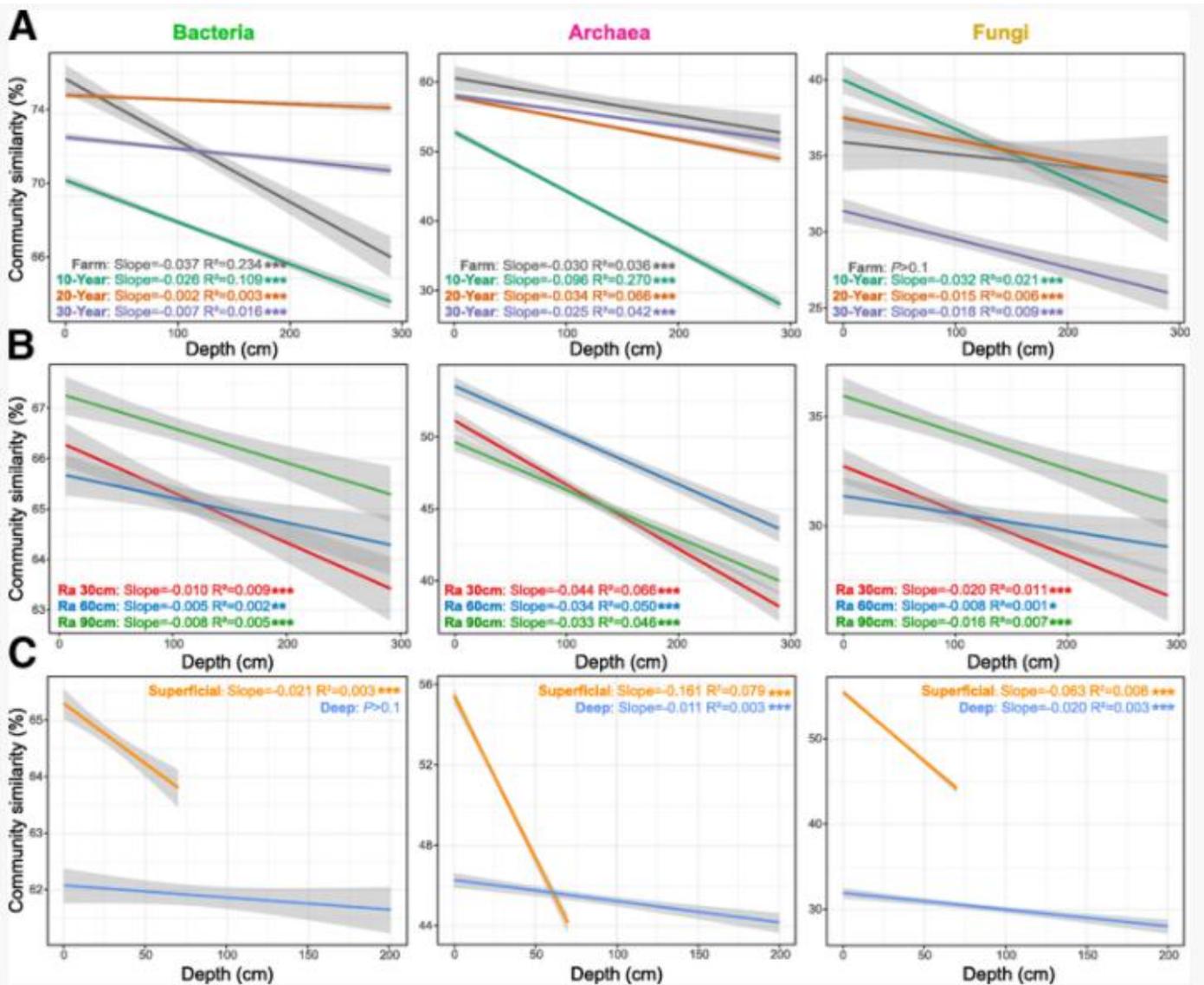
## 02. Temporal and spatial distribution patterns of soil microbiomes at fine scale



**基于Bray-Curtis距离估计了不同微生物群落间 $\beta$ 多样性的差异：**

Fungi 微生物群落显示出最高的 $\beta$ 多样性，表明它们的分散度更高。

# Results and discussion



robiomes at fine scale

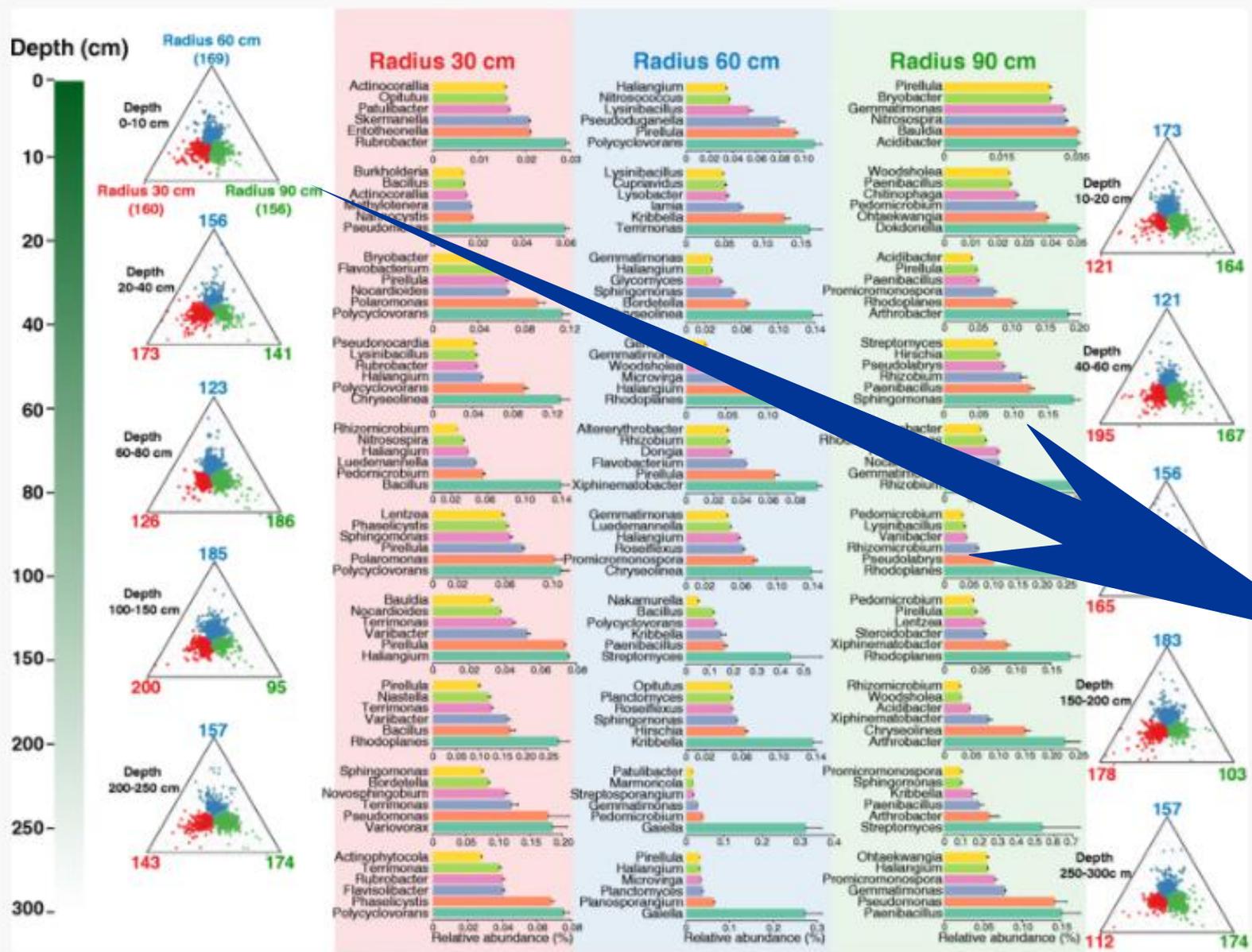
耕地与重造林 (A) , 树木周围的半径 (B) 和不同土壤层 (C) 之间细菌, 古菌和真菌群落的相似性分析:

A: 10年重造林土壤中所有微生物群的垂直空间 (VDR) 斜率最为陡峭, 20和30年重造林土壤基本相似。

B: 所有微生物群落的坡度对于离树30厘米距离的土壤最陡。

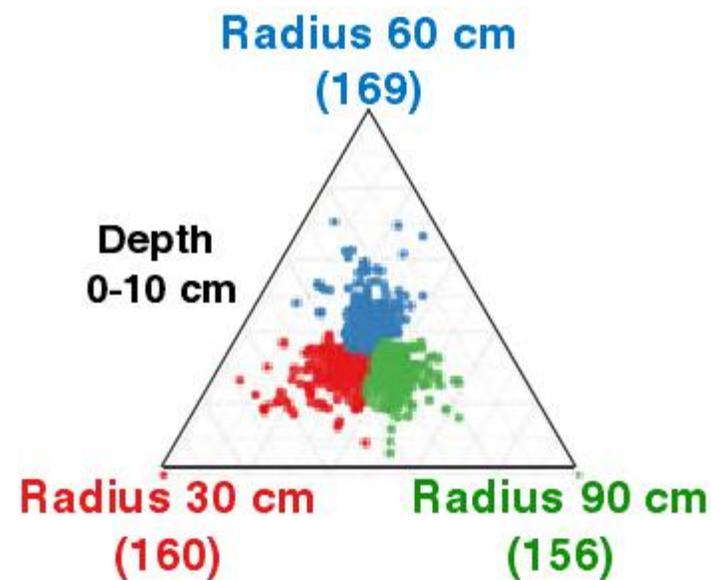
C: 浅层土壤微生物群落VDRs显示比在深层陡得多。

# Results and discussion



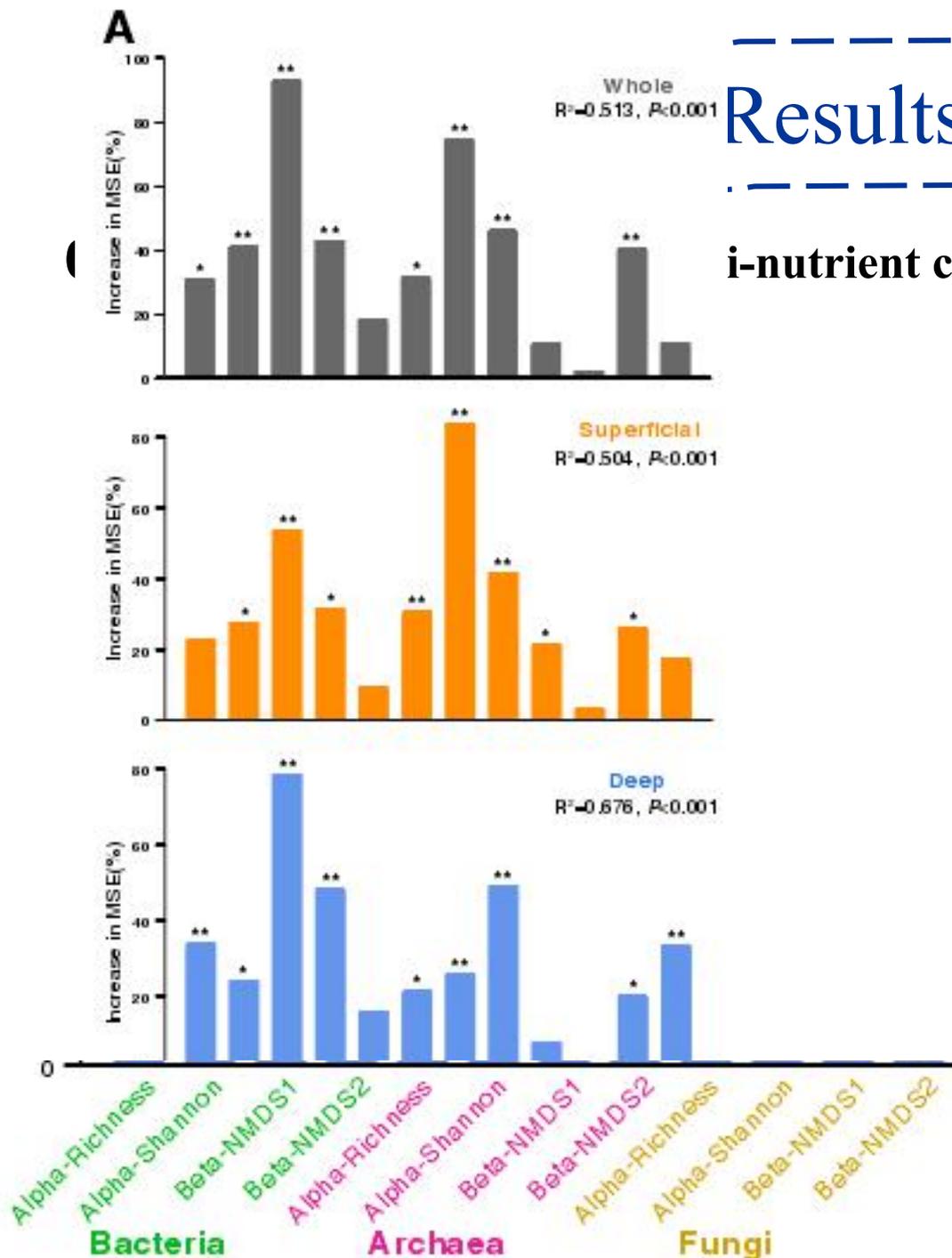
at fine scale

在每个土壤深度树木的不同半径之间负责群落分化的细菌群落分布:



# Results and discussion

## i-nutrient cycling in reforested ecosystems

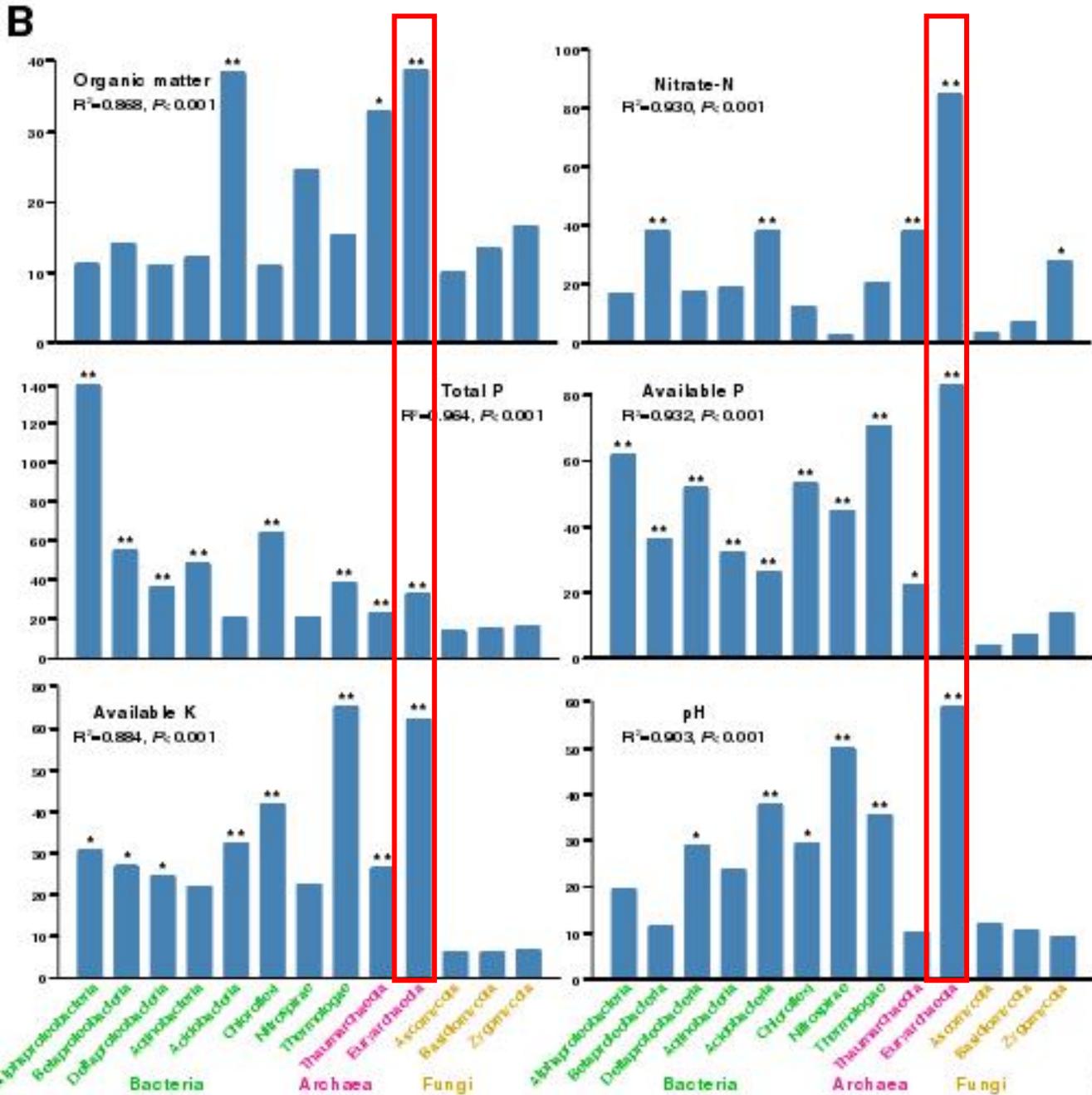


为探讨重新造林生态系统中土壤养分循环的潜在主要驱动因素，通过Random forest (RF)分析确定影响土壤多种养分循环指数的主要微生物类群：

**MSE：**均方误差，变量的百分比用于估计预测因子的重要性，更高的MSE%值意味着更重要的预测因子。

**微生物 $\alpha$ 和 $\beta$ 多样性指数：**作为土壤多种养分循环指数，在整个剖面，浅层和深层的驱动因素。

**$\beta$ 多样性：**是预测整个垂直土壤剖面中土壤多种营养循环指数的最重要变量



## Discussion

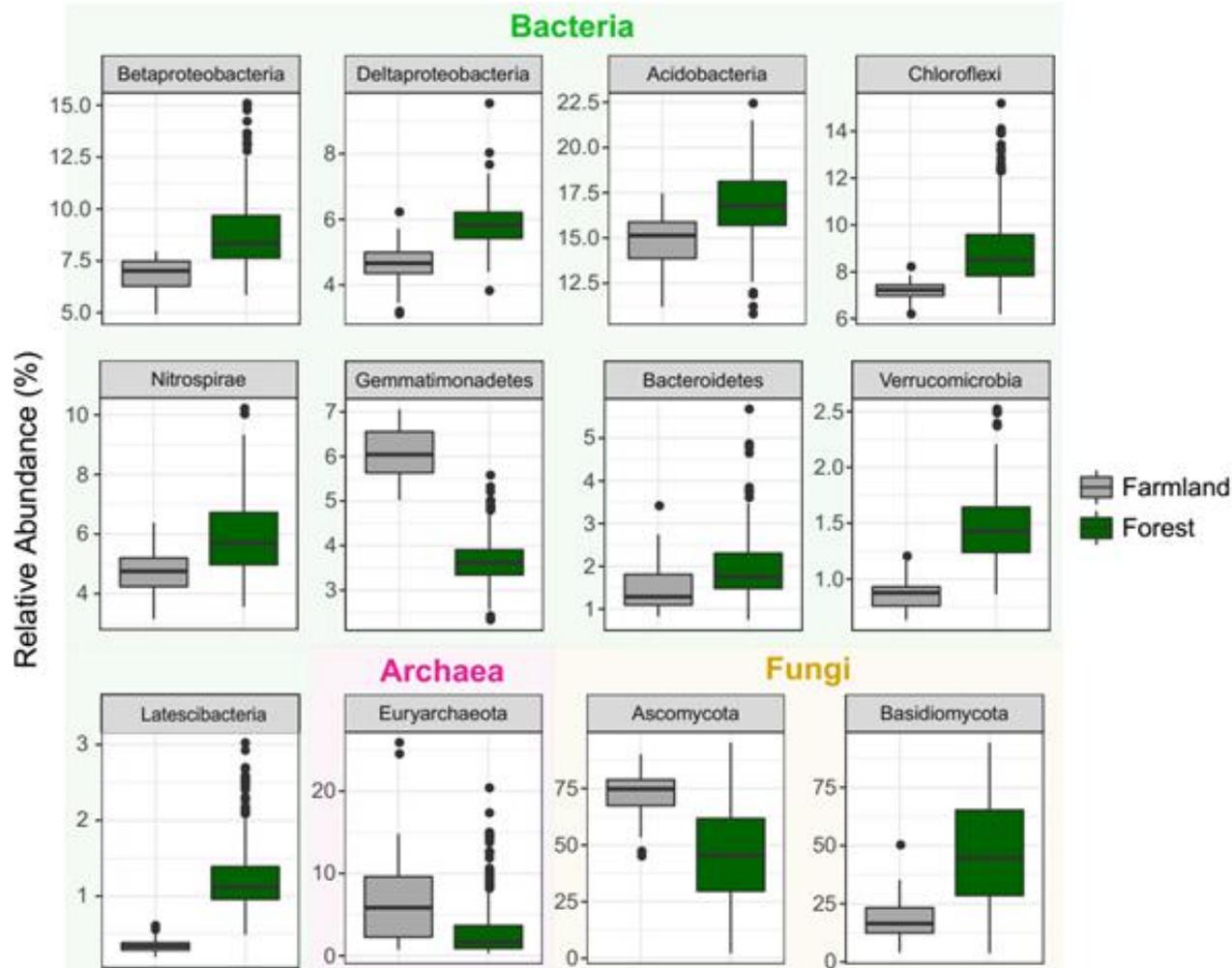
### Forested ecosystems

微生物群落总数>5%以上门在整个剖面中作为土壤特性的驱动因素。

Euryarchaeota古生菌是预测许多土壤性质的最重要变量，包括OM, NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N, AP, AK 和pH ( $P_s < 0.01$ )，表明其在重造林过程中对土壤养分循环的重要性。

# Results and discussion

## 03. Potential drivers of soil multi-nutrient cycling in reforested ecosystems

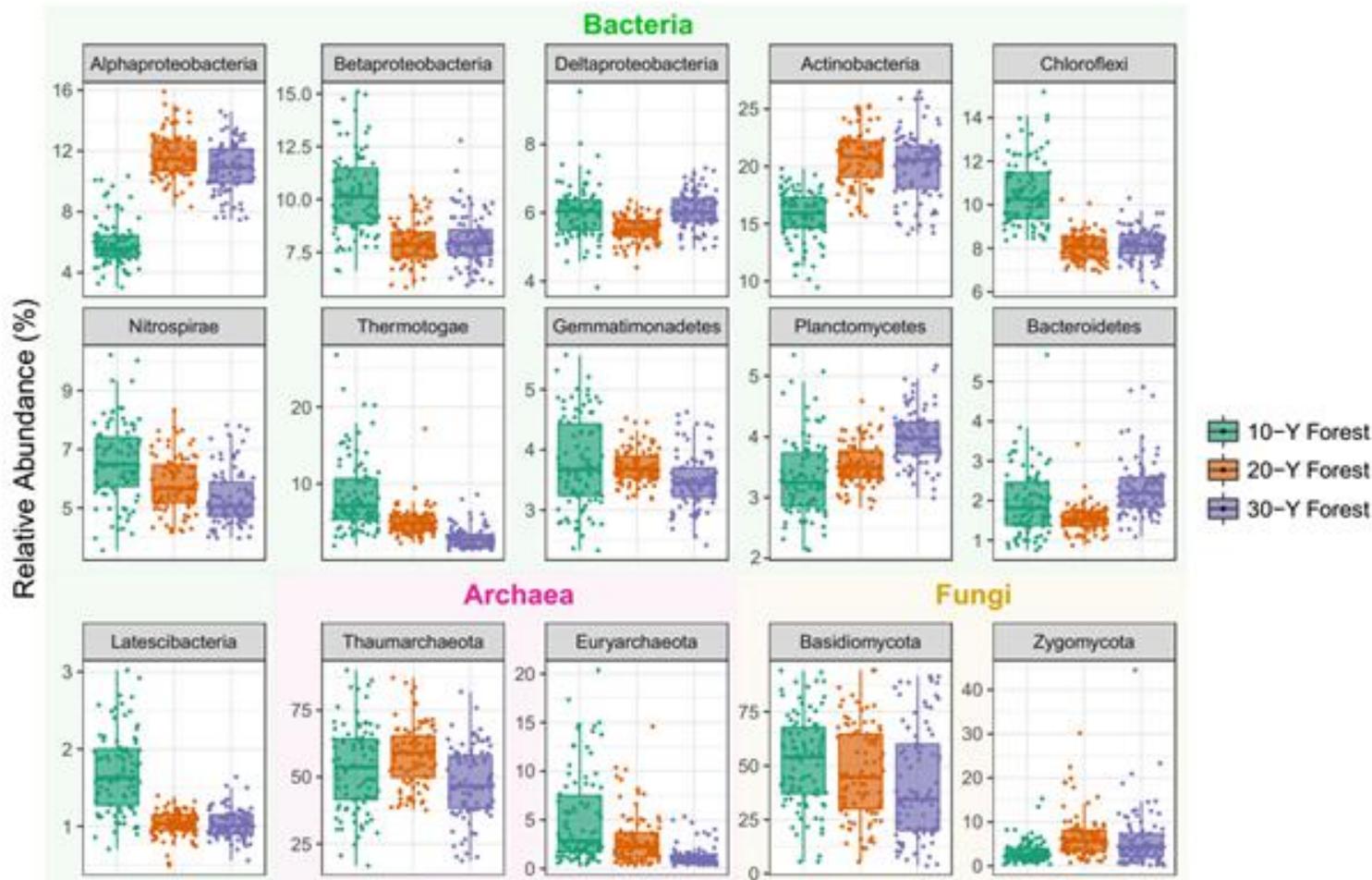


### 优势门的分布表明:

Gemmatimonadetes, Euryarchaeota, Ascomycota和Zygomycota在耕地中占主导地位, 而Betaproteobacteria, Deltaproteobacteria, Acidobacteria, Nitrospirae和Basidiomycota在重造林的土壤中占主导地位。

# Results and discussion

## 03. Potential drivers of soil multi-nutrient cycling in reforested ecosystems

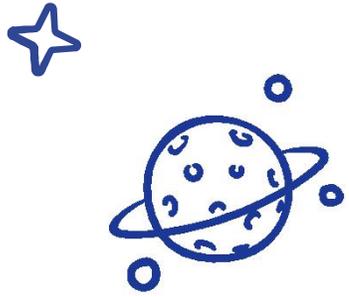


在重新造林过程中:

Nitrospirae, Thermotogae,

Euryarchaeota和Basidiomycota的相对丰度均下降;

而Alphaproteobacteria, Actinobacteria和Planctomycetes的相对丰度增加。



PART 04

**Discussion**



# Discussion



在这项研究中，发现土壤微生物群落对重造林的不同适应促进了垂直土壤中的多种养分循环。

研究结果表明，古菌 $\beta$ 多样性在浅层土壤多种养分循环中发挥了重要作用，而细菌 $\beta$ 多样性在深层中贡献最多。这项研究揭示了单一树木土壤微生物群落在短距离范围内**垂直**和**水平空间**变化。

# Discussion

根据土壤性质发生的垂直变化，本研究中的土壤深度可分为两个可区分的层：浅层（0-80 cm）和深层（100-300 cm），可能对应于矿物土层（A和B层）和深层腐泥岩（C层）。土壤性质在浅层中表现出比在深层中更大的变化，这可能与植物根系的高微生物活性和高生物量以及浅层土壤中发生的更多人为干扰有关。

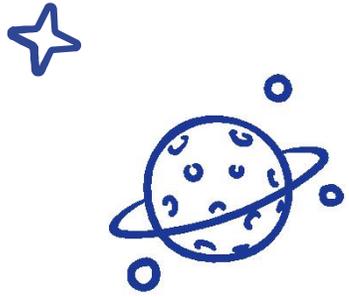
细菌和真菌的多样性随着土壤深度的增加而降低，古菌多样性增加。因为这些微生物群落偏好不同氧条件：古菌主要是厌氧的，而细菌和真菌是主要好氧。

# Discussion

**仅相隔数厘米的土壤环境在其非生物特征，微生物活动速率和微生物群落组成方面存在显著差异。**

随着土壤性质的显著变化，土壤微生物组在多样性和群落组装方面呈现垂直分布。然而，在水平方面，在重造林地点的树木的不同距离（半径）之间没有观察到土壤性质的显著差异。

根系对土壤微生物群落的地下梯度效应与它们与树木的距离有关。围绕树木，由于根区域土壤中释放的根系分泌物和粘液的分散限制，沿着根系的径向轴线可以产生环境异质性梯度差异。



---

PART 05

**Conclusions**

---

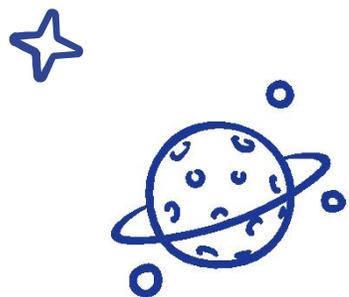


# Conclusions

本研究量化了古菌、细菌和真菌在退耕还林过程中陆地表层和地下生态系统中多种营养物质循环潜在的主导作用。

该结果为单一树木土壤微生物群落在短距离范围内垂直和水平空间的变化提供了新视角。

**土壤微生物群落对重造林的独特垂直响应**充分说明了地下土壤生态学以及了解微生物群落在陆地生态系统**深层土壤**中的垂直分布是非常重要的。



---

# Thank You

---

敬请各位老师同学批评指正

---