




BT: 大豆皮堆肥过程中的物质转化、微生物群落组成和代谢功能演替

转载

刘永鑫Adam  于 2020-08-12 07:00:00 发布  797  收藏 2

文章标签: [大数据](#) [机器学习](#) [人工智能](#) [编程语言](#) [数据分析](#)

原文链接: https://mp.weixin.qq.com/s/5jQspEvH5_4Xmart22giMA#rd

版权

【题目】

Material conversion, microbial community composition and metabolic functional succession during green soybean hull composting

【期刊】

Bioresource Technology

(IF=7.539, 中科院一区, TOP期刊)

【上线日期】

2020年7月12日

【文章链接】

<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2020.123823>

【第一作者】

张超 (zhangchao9529@163.com)

高峥 (gaozheng@sdau.edu.cn)

【通讯作者】

周波 (zhoubo2798@163.com)

【第一单位】

山东农业大学



Material conversion, microbial community composition and metabolic functional succession during green soybean hull composting

Chao Zhang^{a, b, 1}, Zheng Gao^{a, b, 1}, Wencong Shi^{a, b}, Linchao Li^{a, b}, Renmao Tian^c, Jian Huang^d, Rongshan Lin^{b, e}, Bing Wang^{b, e}, Bo Zhou^{b, e}✉

[Show more](#) ▾

<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2020.123823>

[Get rights and content](#)

文章简介

由于世界人口的增长和饮食习惯的改变，对蔬菜的需求大大增加。这种需求也导致了蔬菜废弃物的增加。尤其是亚洲国家，很大比例的蔬菜废弃物被随意丢弃或填埋，对城乡生态造成严重影响。因此选择合适的方式方法处理这些蔬菜废弃物已经迫在眉睫。

堆肥是一种处理农业废弃物的环保和可持续的技术。在这项研究中，将绿色大豆皮和玉米秸秆进行堆肥，以探索物质转化，细菌和真菌群落以及代谢功能的动力学变化。结果表明，堆肥过程中细菌和真菌群落存在不同的时间演替规律。链孢囊菌科是细菌堆肥高温期的标志微生物，而毛壳菌科是真菌高温期和降温期的标志微生物。在细菌网络中，种子发芽指数与特吕珀菌属，假单胞菌属和甲基球菌科有一定的时间延滞关联，代表了影响该群落的关键物理化学特征。在真菌群落中，种子发芽指数，pH，黄腐酸（FA）和温度等具有共同作用。碳水化合物代谢和氨基酸代谢是主要的代谢途径，腐生营养型是堆肥过程中主要的真菌营养模式。这些结果为筛选特定有效的菌剂以加速天然蔬菜堆肥提供了参考。

试验设计及方法

该研究用绿色大豆皮和玉米秸秆作为原料，将粉碎的玉米秸秆和绿色大豆皮按1:3的重量比例手工混合，制备了3个2.0 m×1.5 m×1.0 m的天然堆肥堆。堆肥采用自然通风和人工翻抛的方式进行曝气，共进行了为期55天的堆肥。根据温度曲线的变化分别在0、2、4、8、14、22、28、34、40和55天采集样品，包括了堆肥的升温期、高温期、降温期和成熟期样品。

主要结果

1、堆肥过程中理化特性的变化

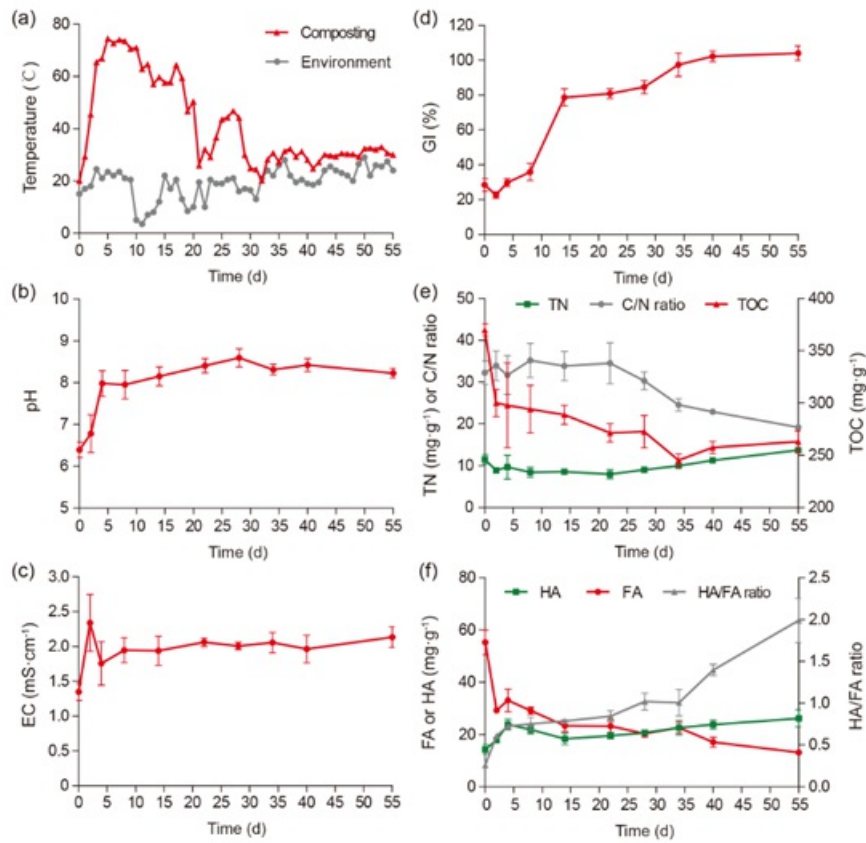


图1. 堆肥过程中理化特性的变化

堆肥过程中温度(a)、pH(b)、EC(c)、GI(d)、TOC、TN和C/N比值(e)、腐植酸含量(HA)、黄腐酸含量(FA)和HA/FA比值(f)的变化。

由图可知，堆肥温度在第三天就快速上升至60℃以上的高温期并维持了16天，然后堆体温度下降至接近环境温度；种子发芽指数（GI）也由0天的28.46%上升至堆肥结束时的104.08%。pH、电导率（EC）在堆肥结束时分别稳定在8.20-8.30和2.0-2.2 mS·cm⁻¹之间。总有机碳（TOC）和富里酸（FA）的含量呈下降趋势，总氮（TN）和胡敏酸（HA）的含量则呈上升趋势，碳氮比（C/N比）由32.23降至19.19；胡富比（HA/FA比）则从初始的0.26增加到1.99。综上，堆肥的温度、pH、EC、GI、C/N比和HA/FA比均满足各项堆肥腐熟的标准。

2、堆肥过程中的微生物演替

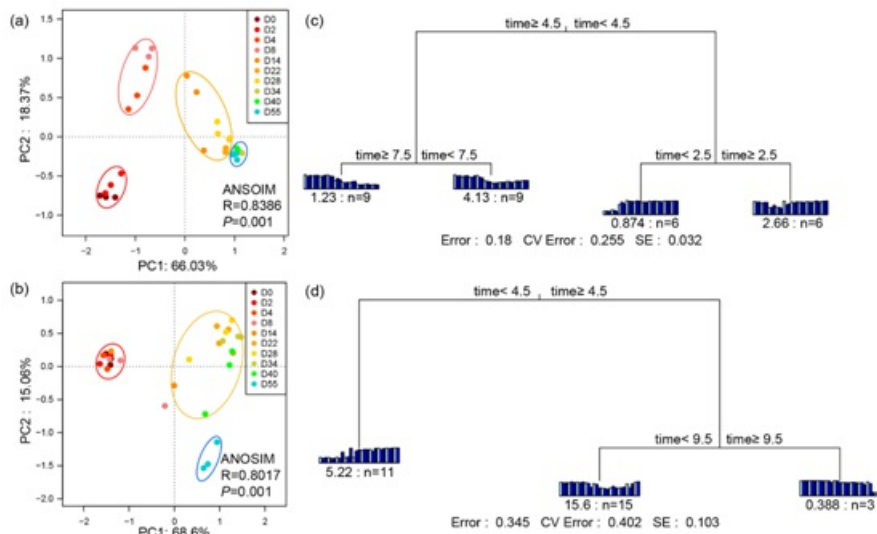


图2. 堆肥过程中微生物群落结构的主坐标分析(PCoA)和多元回归树分析(MRT)

(a)细菌群落结构的PCoA分析。(b)真菌群落结构的PCoA分析。(c)细菌群落结构的MRT分析。(d)真菌群落结构的MRT分析。

主坐标分析表明，堆肥不同阶段的细菌和真菌群落组成都发生了显著的变化，并且呈现出不同的时间演替规律。为明确堆肥不同阶段的微生物群落差异，进行多元回归树（MRT）分析，细菌群落的变化发生在升温后期(2d)、嗜热期中期(8d)和冷却后期(28d)，可划分为四大分支，0d、2d样品，4d、8d样品，14d、22d、28d样品和34d、40d、55d样品各划分为一支。真菌群落的变化发生在高温中期(8 d)和冷却中期(40 d)，滞后于温度变化阶段，可划分为三大分支，0d、2d、4d、8d样品，14d、22d、28d、34d、40d样品和55d样品各划分为一支。综上，细菌和真菌群落存在不同的时间演替规律，细菌群落对温度变化的响应比真菌群落更敏感。

3、堆肥过程中的标志微生物

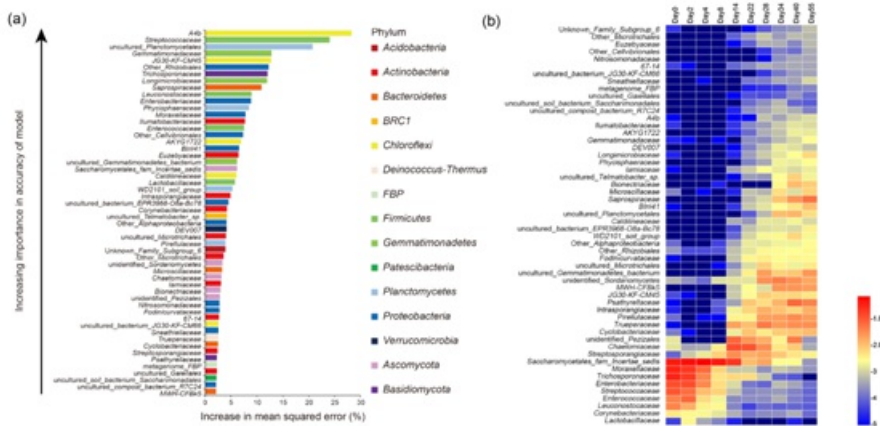


图3. 利用随机森林模型检测堆肥过程中的标志微生物

(a) 采用随机森林回归分析方法，确定了54个标志微生物科。(b) 与堆肥循环相关的54个预测标志微生物的相对丰度热图。

采用随机森林分析建立了堆肥微生物群落组成与堆肥周期的关联模型，该模型解释了与堆肥进程相关的微生物菌群方差的90.65%，找到54个重要科，其中有47个细菌科分属于13个细菌门，7个真菌科属于两个真菌门。其中细菌的链孢囊菌科是堆肥高温期的标志微生物，特吕珀菌科和*Pirellulaceae*是降温期和成熟期的标志微生物；真菌的酵母目是堆肥升温期和高温期的标志微生物，毛壳菌科是堆肥高温期和降温期的标志微生物。综上，这些微生物可以作为堆肥过程中特定阶段的标志微生物，反映不同阶段的功能特征。

4、堆肥过程中微生物的代谢功能

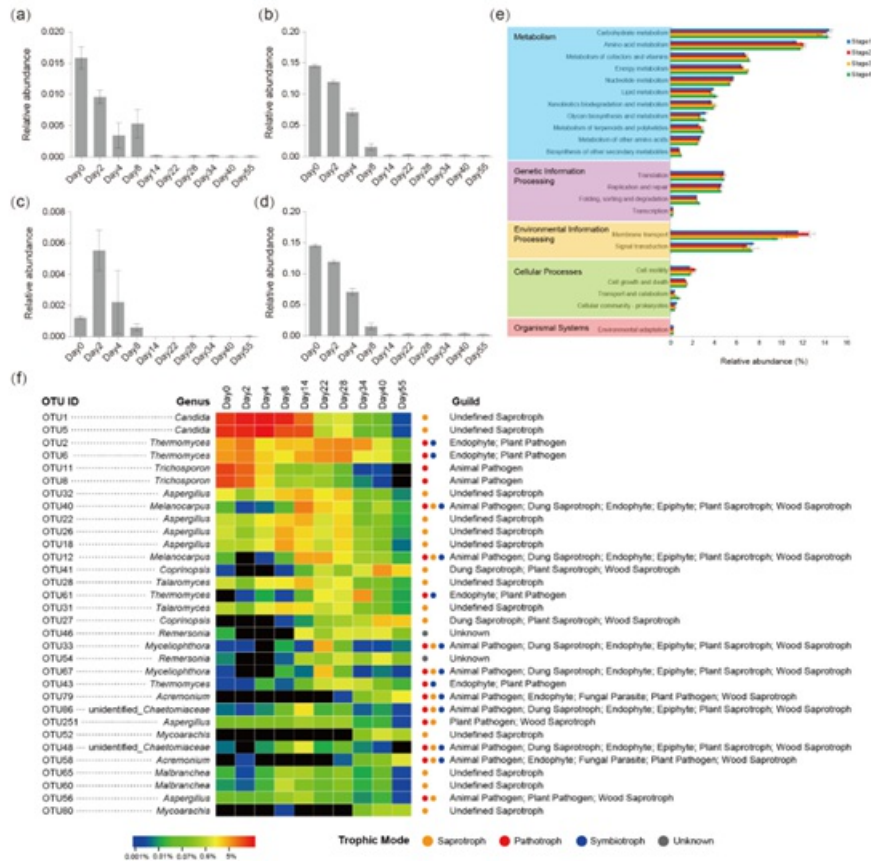


图4. 使用FAPROTAX、Tax4fun和FUNGuild分析了堆肥过程中细菌和真菌功能的变化

(a) FAPROTAX标注的植物病原菌相对丰度。(b)FAPROTAX注释的人类病原菌相对丰度。(c) FAPROTAX注释的哺乳动物肠道相对丰度。(d) FAPROTAX注释的动物寄生虫或共生体相对丰度。(e)Tax4fun注释的二级KEGG序列丰度。(f) FUNGuild注释的平均相对丰度大于0.01%的真菌物种的Guild。

细菌功能预测结果表明，碳代谢和氨基酸代谢均超过10%，是两条最主要的代谢通路。碳代谢在纤维素降解起重要作用，氨基酸代谢促进腐殖质合成过程。植物病原菌、人类病原菌、哺乳动物肠道、动物寄生虫或共生体四种与病原菌相关的功能，在堆肥前期丰度较高，随着堆肥进行，病原菌快速下降，到55天时丰度低于0.5%。真菌代谢功能分析发现，被注释为动植物病原菌的多个OTU，在堆肥结束时丰度低于0.01%。属于嗜热真菌属和曲霉属的多个OTU的相对丰度在高温期占主导地位，具有木质纤维素降解的功能。综上，堆肥可以有效地灭活细菌和真菌病原菌。细菌群落和真菌群落的主要功能都涉及堆肥过程中的物质转化。

5、堆肥过程中理化特性与微生物的关系

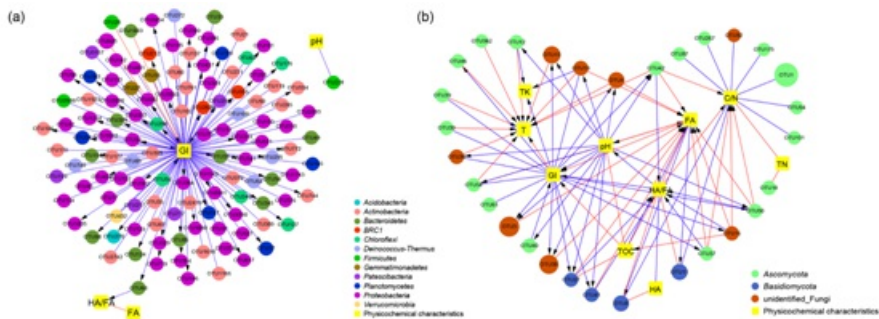


图5. 基于堆肥理化特征与细菌群落(a)和真菌群落(b)的共存网络分析

在细菌网络中有124个关联，122个OTU，其中大部分属于放线菌门、拟杆菌门和变形菌门。网络中的OTU与GI、pH和HA/FA比存在相关关系。GI与特吕珀菌属，假单胞菌属和甲基球菌科有时间延滞关联，代表了影响该群落的关键物理化学特征。真菌网络共有97个关联，其中56条边为正关联，41条边为负关联。共有30个OTU，大部分属于子囊菌门、担子菌门。网络中的OTU与温度、pH、TOC、GI、FA、HA、FA/HA比、TN、总钾（TK）和C/N比存在相关关系。

结论

本研究发现，真菌和细菌群落结构存在着不同的演替模式。细菌群落可划分为4个阶段，真菌群落可划分为3个阶段。Streptosporangiaceae、Trueperaceae和Pirellulaceae是细菌的标志微生物，Saccharomycetales和Chaetomiaceae是真菌的标志微生物。GI与细菌和真菌群落均具有时间延滞关联，pH、FA、温度等共同影响真菌群落。这些发现扩大了对堆肥过程中物质转化和群落演替耦合的理解。

作者简介



周波，山东农业大学生命科学学院副教授。中国微生物学会微生物资源专业委员会委员；中国植物营养与肥料学会生物与有机肥专业委员会委员；中国作物学会马铃薯专业委员会委员。山东农业大学农业微生物资源保藏利用中心（AMCC）主任。主要以微生物资源为基础，重点开展马铃薯疮痂病和根结线虫的生防工作。以第一作者或通讯作者等在Microbiome、Bioresource Technology、Phytopathology、Plant disease、园艺学报等发表论文50余篇。

注：AMCC成立于2011年，目前保藏有马铃薯疮痂病菌种资源、根结线虫生防资源、生物肥料等特色微生物资源20,000余份。



高崢，山东农业大学生命科学学院教授。从事农业与环境微生物生态学研究。承担国家自然科学基金、国家重点研发计划子课题等各类项目近20项。以第一作者或通讯作者在ISME Journal、Microbiome、Soil Biology and Biochemistry、Bioresource Technology等杂志上发表论文近30篇。担任Soil Biology and Biochemistry、Water Research、Science of The Total Environment、Environmental Pollution等10余个杂志审稿人。



张超，2020年6月毕业于山东农业大学，硕士导师为高崢教授。现就读于江南大学环境与土木工程学院，博士生导师为刘和教授。目前以第一作者在Bioresource Technology期刊发表1篇SCI论文。研究方向：环境微生物生态、好氧堆肥、污泥厌氧发酵。

本期审校：李小圆 卢瑟茵

本期排版：李小圆 卢瑟茵

猜你喜欢

10000+：[菌群分析](#) [宝宝与猫狗](#) [梅毒狂想曲](#) [提DNA发Nature Cell专刊](#) [肠道指挥大脑](#)

系列教程：[微生物组入门](#) [Biostar](#) [微生物组](#) [宏基因组](#)

专业技能：[学术图表](#) [高分文章](#) [生信宝典](#) [不可或缺的人](#)

一文读懂：[宏基因组](#) [寄生虫益处](#) [进化树](#)

必备技能：[提问](#) [搜索](#) [Endnote](#)

文献阅读 [热心肠](#) [SemanticScholar](#) [Geenmedical](#)

扩增子分析：[图表解读](#) [分析流程](#) [统计绘图](#)

[16S功能预测](#) [PICRUST](#) [FAPROTAX](#) [Bugbase](#) [Tax4Fun](#)

在线工具：[16S预测培养基](#) [生信绘图](#)

科研经验：[云笔记](#) [云协作](#) [公众号](#)

编程模板：[Shell](#) [R](#) [Perl](#)

生物科普：[肠道细菌](#) [人体上的生命](#) [生命大跃进](#) [细胞暗战](#) [人体奥秘](#)

写在后面

为鼓励读者交流、快速解决科研困难，我们建立了“宏基因组”专业讨论群，目前已有国内外5000+ 一线科研人员加入。参与讨论，获得专业解答，欢迎分享此文至朋友圈，并扫码加主编好友带你入群，务必备注“姓名-单位-研究方向-职称/年级”。PI请明示身份，另有海内外微生物相关PI群供大佬合作交流。技术问题寻求帮助，首先阅读《[如何优雅的提问](#)》学习解决问题思路，仍未解决群内讨论，问题不私聊，帮助同行。



分享此文至朋友圈
扫码加创始人好友
备注“姓名-单位-
研究方向-职务”
拉你入同行交流群
获得专业指导解答

学习16S扩增子、宏基因组科研思路和分析实战，关注“宏基因组”



学习扩增子、宏基因组
科研思路和分析技术

长按关注“宏基因组”
专业干货每日推送

欢迎同行分享、投稿

[点击阅读原文，跳](#)

[转最新文章目录阅读](#)