

ISME: 水库蓝藻影响真核浮游生物的群落演替和物种共存

原创

刘永鑫Adam  于 2020-10-04 07:00:00 发布  297  收藏

文章标签: [网络](#) [人工智能](#) [大数据](#) [xhtml](#) [微软](#)

版权声明: 本文为博主原创文章, 遵循 [CC 4.0 BY-SA](#) 版权协议, 转载请附上原文出处链接和本声明。

本文链接: <https://blog.csdn.net/woodcorpse/article/details/108924565>

版权

ISME Journal: 水库蓝藻影响真核浮游生物的群落演替和物种共存

编译: 刘乐冕、肖鹏 中国科学院城市环境研究所



The **ISME** Journal
Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology

Article | [Open Access](#) | Published: 03 May 2019

Response of the eukaryotic plankton community to the cyanobacterial biomass cycle over 6 years in two subtropical reservoirs

Lemian Liu, Huihuang Chen, Min Liu, Jun R. Yang, Peng Xiao, David M. Wilkinson & Jun Yang 

The ISME Journal **13**, 2196–2208(2019) | [Cite this article](#)

【论文题目】 Response of the eukaryotic plankton community to the cyanobacterial biomass cycle over 6 years in two subtropical reservoirs

【期刊名称】 The ISME Journal, 2019, 13: 2196–2208

【全文链接】 <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0417-9>

【第一作者】 刘乐冕 副研究员

【通讯作者】 杨 军 研究员

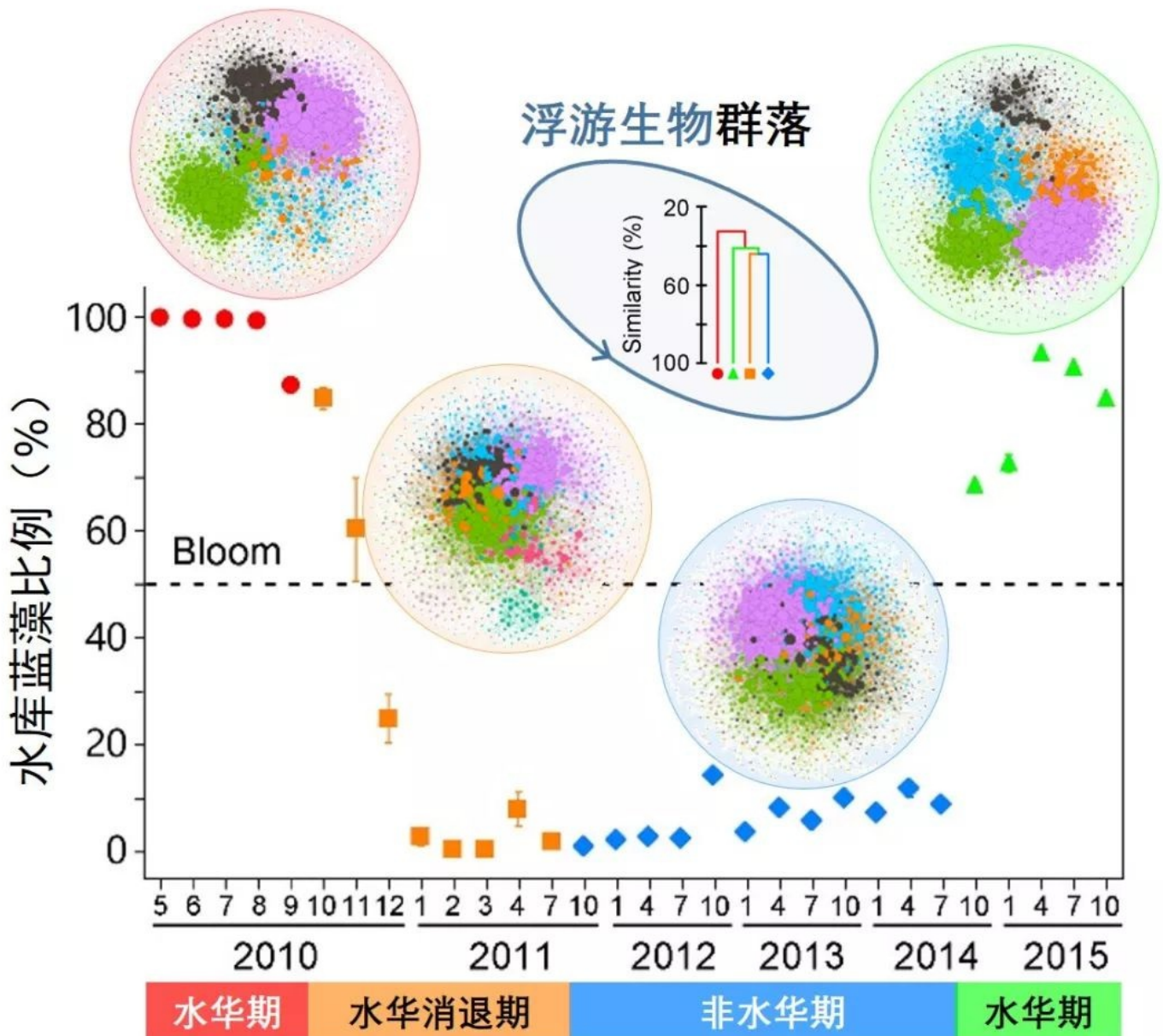
【作者单位】 中国科学院城市环境研究所

简介

蓝藻水华生消对浮游生物群落有至关重要的影响，但目前仍然缺乏长时间序列的野外实验研究。中国科学院城市环境研究所水生态健康研究组（杨军团队）从2010年到2015年连续6年对厦门市石兜和坂头水库进行野外观测，发现两座水库的蓝藻生物量出现了一个周期性循环（即蓝藻水华期、水华消退期、非水华期、水华再次发生期，四个阶段）。该研究表明，蓝藻生物量变化强烈影响了水库微型真核浮游生物的群落组成。更为重要的是，蓝藻生物量变化还改变了微型真核浮游生物的物种共存关系，即两种微型真核浮游生物间的显著共存关系并非恒定不变，而是随着蓝藻生物量的变化而改变，推测在特定环境下微型真核浮游生物间产生了特定的诸如“合作”、“竞争”等相互作用，这为微型真核浮游生物适应环境变化，保持稳定的共存提供了基础。

研究创新点：1、基于连续多年的野外观测揭示了水库蓝藻生物量长期周期性循环使微型真核浮游生物群落组成出现了明显的年际变化，群落的年际变化幅度显著大于季节变化。2、证实了微型真核浮游生物共存网络的拓扑属性与蓝藻生物量存在显著相关关系，量化了蓝藻生物量变化对浮游生物共存关系显著性的效应。3、从浮游生物方面为生物间显著共存关系是变化而非固定的观点提供了新证据，提高了对浮游生物物种共存的认知。

研究成果以“Response of the eukaryotic plankton community to the cyanobacterial biomass cycle over 6 years in two subtropical reservoirs”为题发表于环境科学与生态学领域国际期刊The ISME Journal 2019, 13: 2196–2208。刘乐冕副研究员为第一作者，杨军研究员为通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金、国家重点研发计划，以及厦门市科技计划项目的资助。



蓝藻生物量变化影响浮游生物的群落演替和物种共存

引言

当前，在全球范围内水库水环境面临的最突出问题是水体富营养化。水体富营养化的严重后果是引发蓝藻水华，蓝藻水华威胁水生生物多样性和供水安全。即便人们采取了一定的应急治理措施，由于气候变化以及难以在短时间内对水体营养物质进行有效去除，水库蓝藻水华往往每隔一段时间会周而复始地发生。微型真核浮游生物包括浮游藻类、原生动物、低等真菌、小型后生动物等，是水库生态系统的重要组成部分，在水体自净和水质稳定方面发挥关键作用。研究表明，水库蓝藻水华对浮游生物具有多重而复杂的影响，然而蓝藻长时间尺度的水华-非水华周期性变化对微型真核浮游生物群落会产生怎样的影响，目前仍然缺乏长期的野外观测数据和系统深刻的认知。

中国科学院城市环境研究所水生态健康研究组（杨军团队）从2010年到2015年，连续6年对厦门市石兜和坂头水库进行了野外监测，发现两座水库蓝藻生物量都出现了一个周期性循环，即蓝藻水华期（2010年5月~9月）、水华消退期（2010年10月~2011年7月）、非水华期（2011年10月~2014年7月）、水华再次发生期（2014年10月~2015年10月）四个阶段。因此，两座水库为研究长时间尺度微型真核浮游生物群落对蓝藻生物量变化的响应提供了良好的机会。

生物群落中各种生物间存在共生、协同、竞争、捕食等相互作用，这些作用又决定了生物共存的格局。近年来，共存网络分析被广泛用于研究自然环境中微生物间的共存关系。然而，大部分研究将微生物的共存网络作为一种静态系统。但在大型生物的研究中，人们发现生物间的共存关系并不是静态的，即生物间的共存关系可能随着环境条件的变化而改变，例如原来存在协同作用的两种生物在环境变化后，可能丧失这种关系。其一，是因为环境变化可能引起生物内禀增长率和生态位宽度的变化；其二，生物间相互关系可能存在冗余，这也是保持生物共存网络稳定的重要因素。因此，水库蓝藻生物量的变化势必能引起微型真核浮游生物共存关系的改变，但目前尚未有相关的系统研究予以证实。

结果与讨论

首先，从2010年到2015年连续6年间石兜和坂头水库蓝藻生物量均出现了一个周期性的循环（即蓝藻水华期、水华消退期、非水华期、水华再次发生期，四个阶段）（图1a-d）。在2010年5月至9月水库蓝藻平均生物量占藻类总生物量的80~97%；随后由于水库周边居民迁出、禁止养殖，低温和水位上升等因素，水库营养盐水平快速下降，蓝藻生物量随之迅速下降到2~19%；并且蓝藻生物量和优势度在2011年10月至2014年7月一直保持在非常低的水平；但是在2014年10月由于水库水位下降和升温等事件共同作用导致蓝藻生物量再次达到80%以上（更详细信息可见Yang et al., 2017, *Water Research*, 120: 52–63）。相应地，水库微型真核浮游生物的群落变化也发生了显著变化，微型真核浮游生物与蓝藻生物量循环变化密切相关。水库微型真核浮游生物群落组成明显地分为四个演替阶段，与蓝藻生物量四个阶段的周期变化相一致（图1e和f）。而且，微型真核浮游生物群落组成的年际变化幅度远远超过其季节变化。

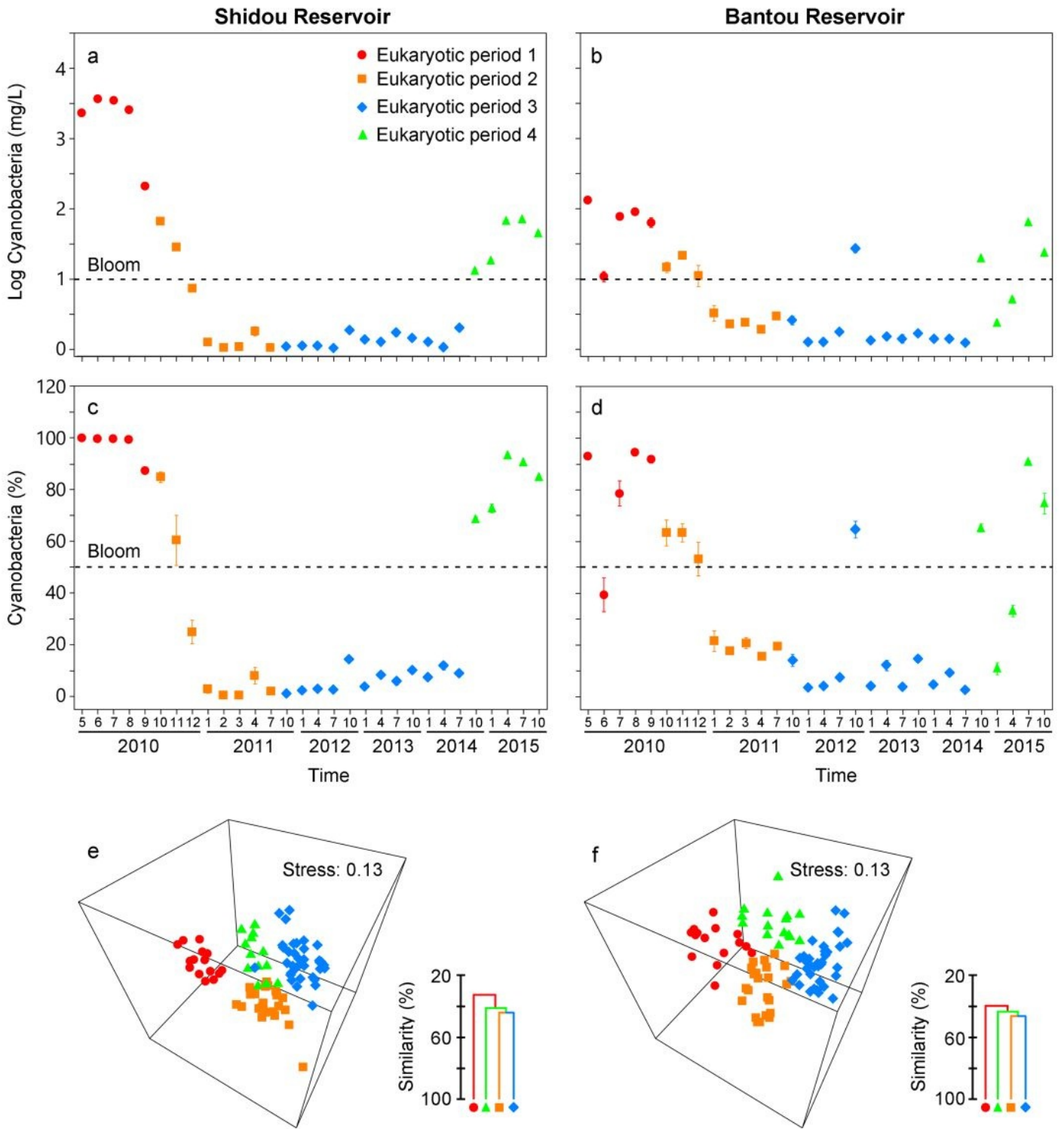


图1. 2010年-2015年石兜和坂头水库蓝藻生物量变化 (a-d) , 以及微型真核浮游生物群落组成变化 (e-f)

其次, 作者通过结构方程分析, 发现蓝藻生物量变化 (CYA) 对微型真核浮游生物群落组成 (MDS1和MDS2) 产生了十分显著的影响 (图2)。蓝藻直接或间接影响微型真核浮游生物群落的路径系数贡献了整个结构方程中路径系数的66.2% (石兜水库) 和51.3% (坂头水库)。

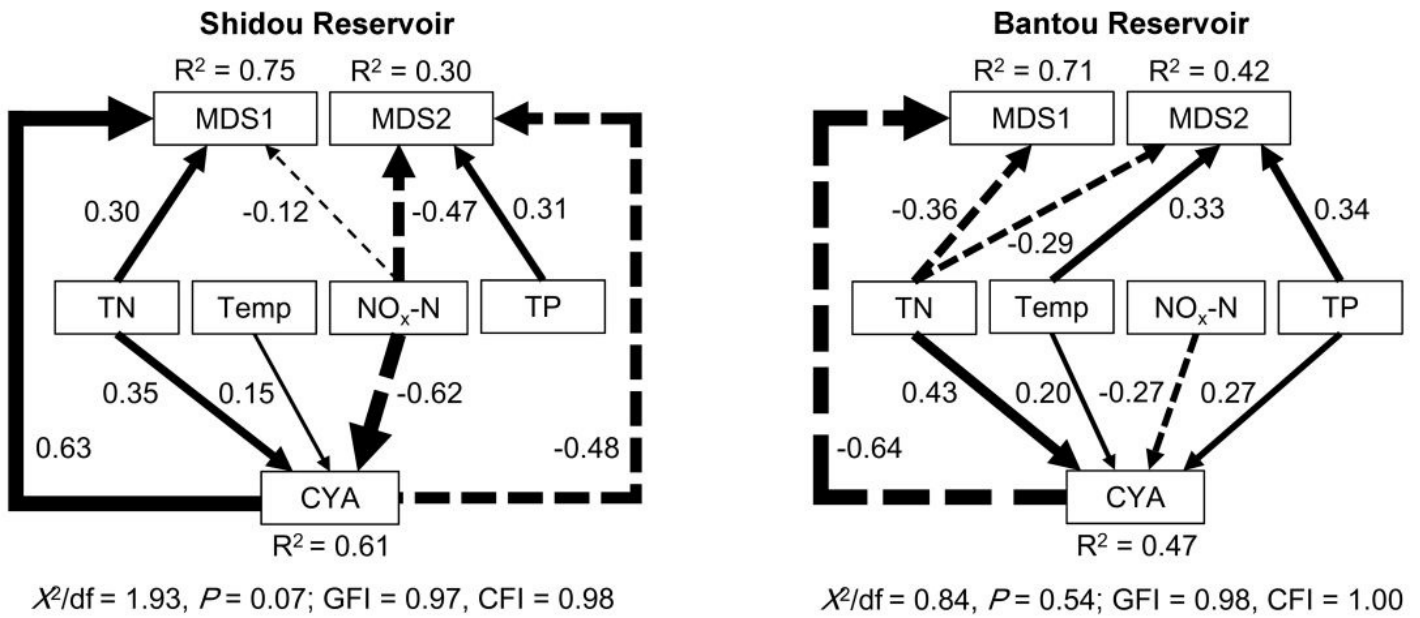


图2. 结构方程揭示蓝藻生物量对微型真核浮游生物群落组成的影响 (TN: 总氮, Temp: 水温, NO_x -N: 硝态氮, TP: 总磷, CYA: 蓝藻生物量, MDS1和MDS2: 微型真核浮游生物群落组成MDS轴1和轴2)

此外, 作者利用所有时间序列数据, 构建了两座水库微型真核浮游生物的共存网络, 发现共存网络呈现模块化的结构特征, 蓝藻生物量对微型真核浮游生物间的共存关系产生了重要且强烈的影响 (图3)。值得注意的是, 丰度与蓝藻生物量相关性越高的微型真核浮游生物在网络中的中心性越高, 暗示这些浮游生物在共存网络中可能发挥了决定性作用 (图4)。

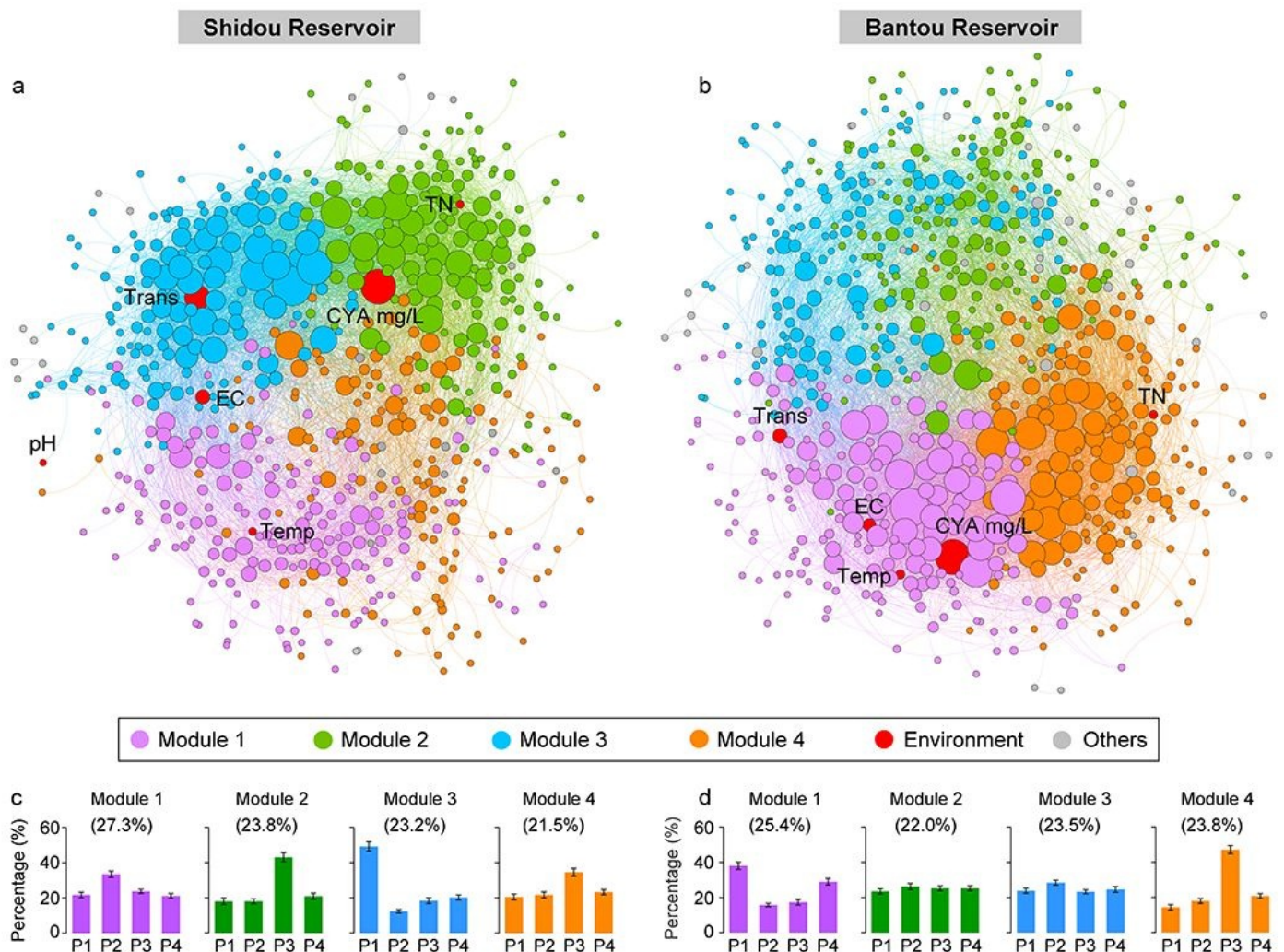


图3. 石兜和坂头水库微型真核浮游生物的共存网络呈现模块化的结构特征

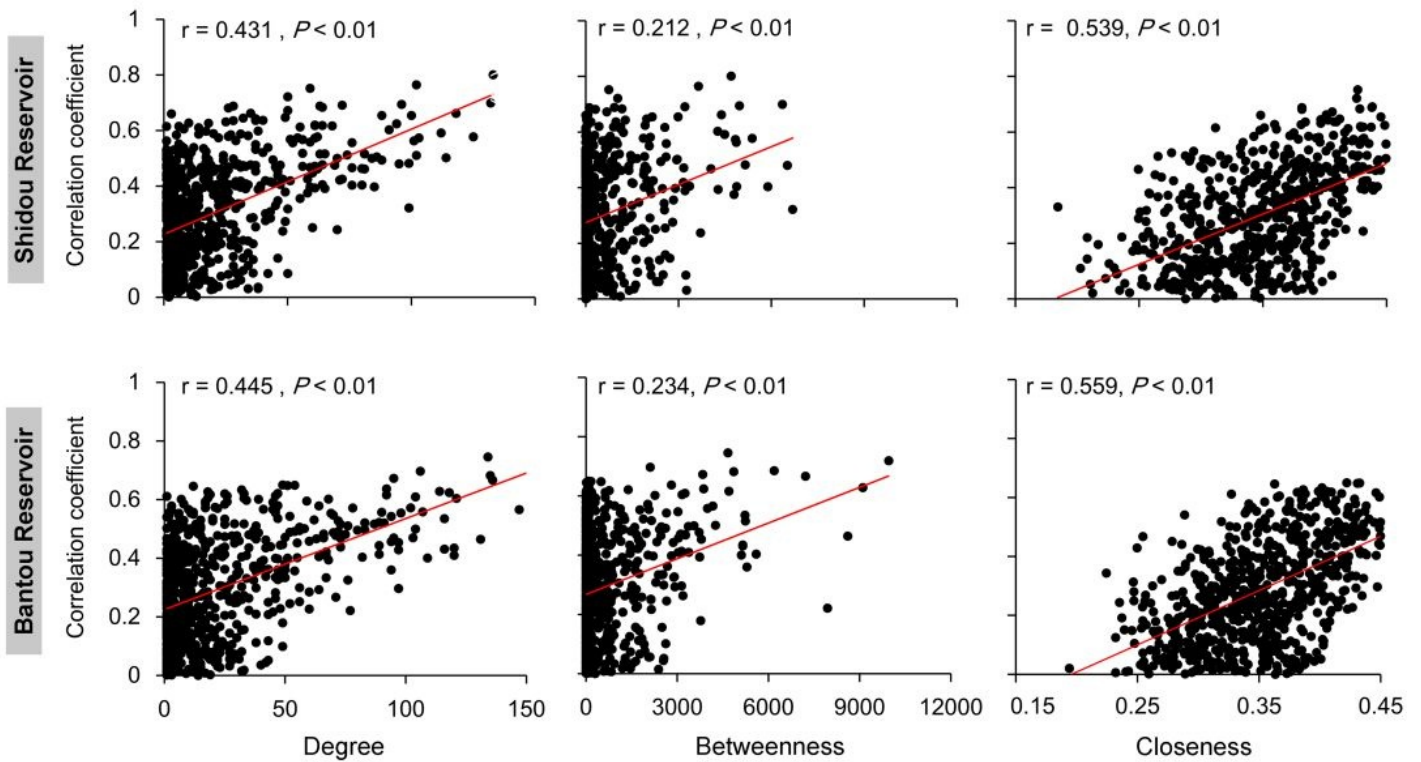


图4. 丰度与蓝藻生物量相关性越高的微型真核浮游生物在共存网络中的中心性越高

最后，作者按蓝藻生物量变化的四个阶段分别对每座水库构建了4个微型真核浮游生物群落的亚共存网络，结果表明微型真核浮游生物的共存关系不是静态的，而是随着蓝藻生物量变化而改变。例如，这4个网络共有44.0–60.6%的真核生物OTUs（network nodes），但仅仅共有2.8–6.3%的生物间显著相互关系（network edges）。同其他环境因子相比，四个阶段蓝藻生物量的欧式距离与这4个网络不相似度的相关性最为显著（表1），表明蓝藻生物量变化对微型真核浮游生物间共存关系变化的影响最大。

表1. 相关性分析揭示水库环境因子对微型真核浮游生物共存关系变化的影响

	Shidou Reservoir	Bantou Reservoir
Water temperature	-0.035	-0.145**
Electrical conductivity	0.433**	0.113**
pH	-0.015	-0.034
Dissolved oxygen	0.123**	0.149**
Water transparency	0.589**	0.205**
Total nitrogen	0.143**	0.312**
Total phosphorus	-0.180**	-0.116**
NH ₄ -N	-0.196**	-0.129**
NO _x -N	0.157**	0.015
CYA (mg/L)	0.756**	0.279**
CYA (%)	0.444**	0.284**

** $P < 0.01$

Bold fonts indicate the top three highest Spearman's coefficients (absolute value)

CYA (mg/L) - cyanobacterial absolute biomass, CYA (%) - percentage of cyanobacterial biomass to total algae

结论

该研究基于连续多年的野外观测揭示了蓝藻水华的生消强烈影响水库微型真核浮游生物群落长期演替模式和物种共存关系。水库蓝藻生物量长期周期性循环使微型真核浮游生物群落组成出现了明显的年际变化，群落的年际变化幅度显著大于季节变化；特别值得注意的是，微型真核浮游生物间的共存关系不是恒定不变的，而是随着蓝藻生物量的变化而改变，推测在特定环境下微型真核浮游生物间产生了特定的诸如“合作”、“竞争”等相互作用，这为微型真核浮游生物适应环境变化，保持稳定的共存提供了基础。该研究有助于进一步认识蓝藻水华对微型真核浮游生物群落的长期影响，为阐明蓝藻水华发生周期内微型真核浮游生物共存网络和相互作用提供了新的研究视角和证据。

Reference

Liu LM, Chen HH, Liu M, Yang JR, Xiao P, Wilkinson DM, Yang J*. 2019. Response of the eukaryotic plankton community to the cyanobacterial biomass cycle over six years in two subtropical reservoirs. *The ISME Journal* 13: 2196–2208.

<https://www.nature.com/articles/s41396-019-0417-9>

http://www.iue.cas.cn/xwzx/kydt/201905/t20190506_5288424.html

作者相关文章解读回顾

[Microbiome: 随机过程主导亚热带河流微型真核浮游生物群落构建](#)

通讯作者简介



杨军，博士，研究员，博士生导师。2001年毕业于河北大学，获学士学位；2006在中国科学院水生生物研究所获得博士学位；2006-2008年加拿大达尔豪西大学地球科学系Killam博士后；2008年11月至今，中国科学院城市环境研究所研究员。以生态健康为视角，聚焦水生态安全和浮游微食物网，研究饮用水源地、景观水体等城市水环境微生物生态学问题，为城市水环境保护和生态管理提供对策与依据。先后承担国家自然科学基金委、科技部、中科院、福建省等科研项目近30项，获得厦门市杰出青年基金、福建省杰出青年基金资助。围绕浮游生物群落变化过程和机制开展了系统性研究，揭示了典型分层水库水质与藻类群落演变规律，为实施水库分层取水工程提供了科学依据；研发饮用水水源安全性的微型生物快速诊断技术，为保障金砖国家领导人会晤期间饮用水安全提供了技术支持和决策依据。培养研究生13名，发表学术论文100篇，包括*ISME J*、*Microbiome*、*Environ Int*、*Water Res*、*EST*等SCI论文80篇。

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](#)