

耕海探洋 唯实求真 博学创新 厚德致远

🏠 首页 > 新闻通告 > 科研进展

海洋所在海洋真核微生物多样性与地理分布方面获新进展

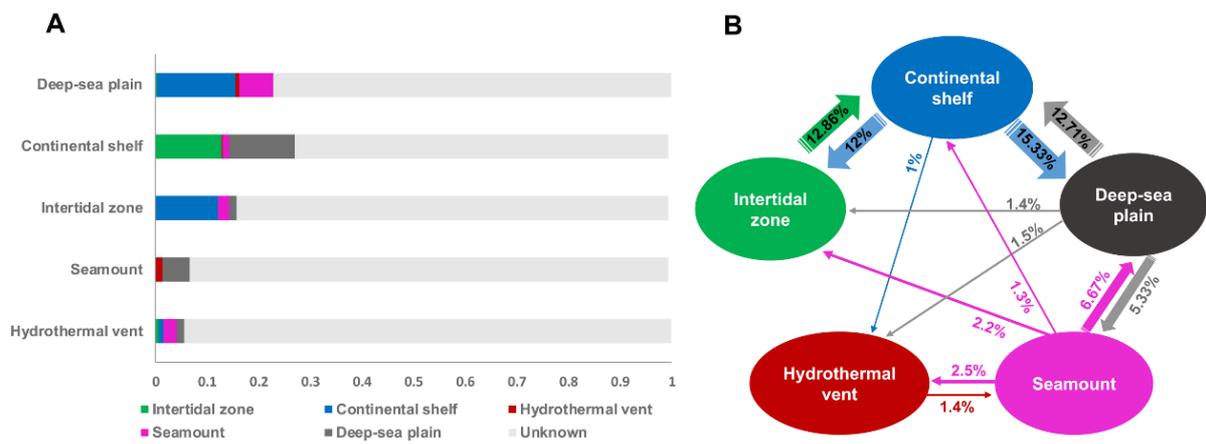
2020-10-15 来源：海洋生物分类与系统演化实验室 | 【大 中 小】

近日，Deep-sea Research Part I和Continental Shelf Research发表了徐奎栋研究组关于真核微生物多样性与地理分布研究的系列成果。该研究利用eDNA和Metabarcoding技术手段，解析了海洋水体与沉积物中真核微生物群落的连通机制，阐释了近岸到深海底栖真核微生物地理分布特征及源汇关系。

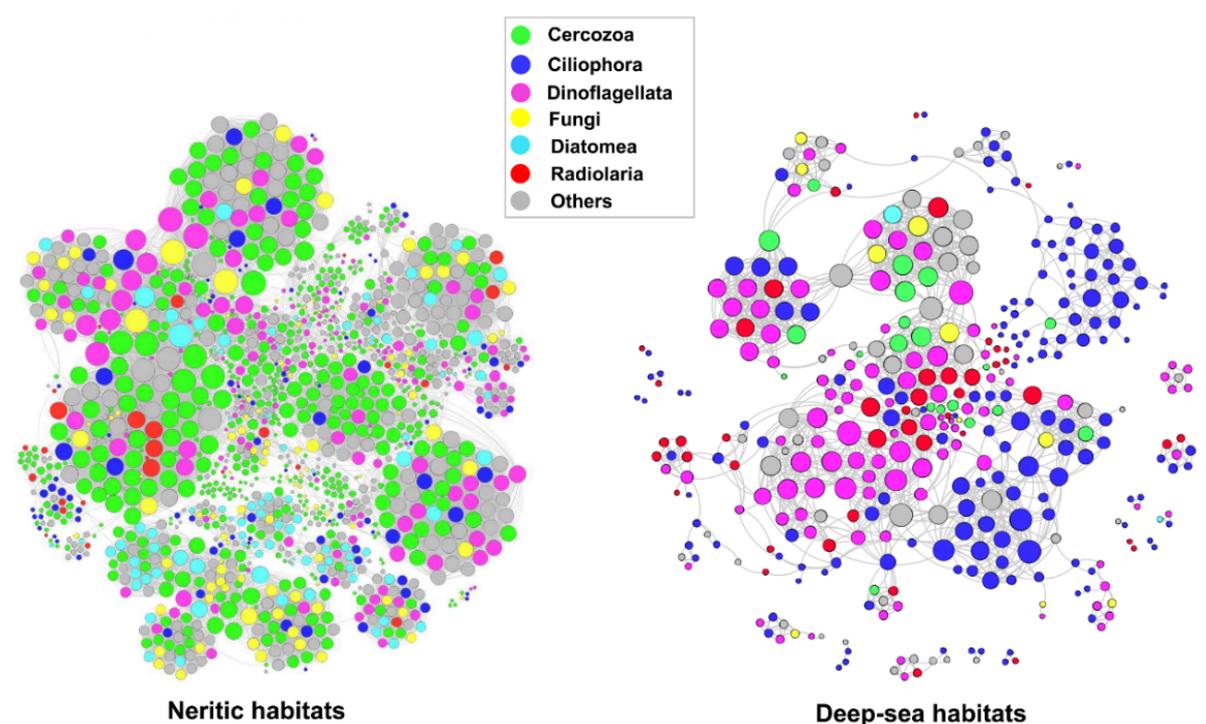
真核微生物是海洋中数量最占优势、多样性最高且功能重要的真核生物类群。然而，真核微生物多样性的研究明显滞后于原核微生物。分子生物学技术的广泛应用，极大地拓展了对海洋真核微生物群落结构和多样性的认识。

该研究开展了近岸到深海多个生境中真核微生物多样性及地理分布研究，基于大数据分析，获得了真核微生物地理分布模式的新认知。主要科学发现包括：首次探讨了近岸到深海的底栖真核微生物源汇关系，发现深海平原与陆架海真核微生物源汇关系显著，而海山、热液等其他生境间的连通性低；发现大洋上层水体与深渊沉积物中真核微生物群落存在密切关系；揭示了大洋真核微生物主要类群不同的分布模式：放射虫和腰鞭毛虫等呈现显著的距离-衰减分布模式，而纤毛虫则无此关系；发现中尺度下海洋底栖真核微生物具有限定性地理分布，显示与大型底栖生物类似的区域分布特征，并阐释了空间和环境因素的影响机制。

上述研究得到了中国科学院战略先导专项和国家自然科学基金等项目的支持，赵峰副研究员和黄平平博士分别为论文第一作者。



不同生境间真核微生物群落的联系



近岸真核微生物间相互关系复杂程度明显高于深海群落

论文信息如下：

Zhao Feng, Wang Chunsheng, Xu Kuidong*, Huang Pingping, Zhou Tong. (2020). Diversity and connectivity of microeukaryote communities across multiple habitats from intertidal zone to deep-sea floor in the Western Pacific Ocean. *Deep-Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers*, doi:10.1016/j.dsr.2020.103395

Zhao Feng, Filker Sabine, Xu Kuidong*, Huang Pingping, Zheng Shan. 2020. Microeukaryote communities exhibit phyla-specific distance-decay patterns and an intimate link between seawater and sediment habitats in the

Western Pacific Ocean. Deep-Sea Research Part I-Oceanographic Research Papers, 160, 103279.

Huang Pingping, Zhao Feng, Xu Kuidong*, Zhou Tong. 2020. Are marine benthic microeukaryotes different from macrobenthos in terms of regional geographical distribution? New insights revealed by RNA metabarcoding. Continental Shelf Research, 209, 104255.



版权所有 © 中国科学院海洋研究所 鲁ICP备10006911号-6

 鲁公网安备37020202001323号

地址: 青岛南海路7号 邮编: 266071 邮件: iocas@qdio.ac.cn

技术支持: 青云软件

