

### 城市环境研究所在河流水库水体中微生物残体DNA干扰微生物多样性方面取得新进展

杨军研究组 | 2023-08-14 | 【大中小】 【打印】 【关闭】

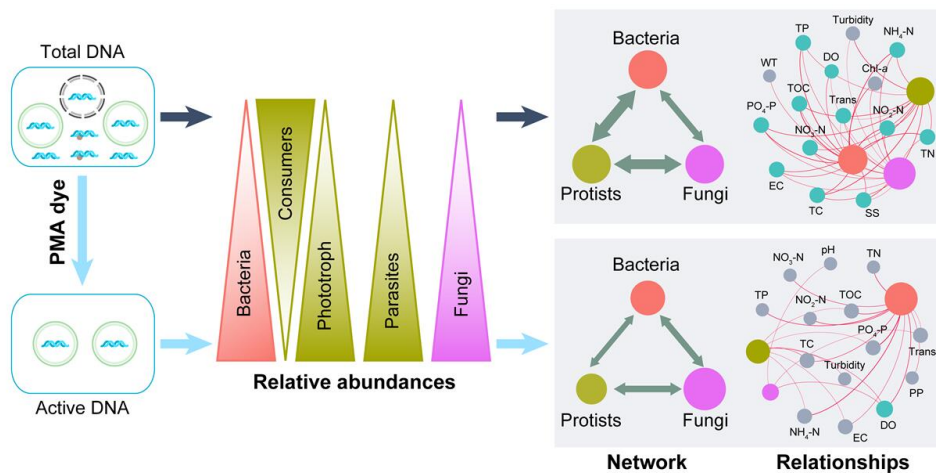
微生物残体DNA广泛存在于陆地和水域生态系统中,从水环境样品中提取的微生物DNA通常来自活体微生物和死亡微生物残体。环境DNA高通量测序技术的应用显著提高了微生物群落检测的效率和通量,然而无法区分微生物细胞的死活状态。因此,基于环境DNA的微生物群落分析会造成一些微生物多样性和群落组成的错误估计。已有研究使用叠氮溴化丙啶(Propidium monoazide, PMA)染色方法,可选择性地结合死细胞DNA,进而抑制PCR扩增;PMA处理与高通量测序技术相结合能够区分死活微生物,实现活体微生物群落分析。但是,以往大多数研究集中在土壤环境或者细菌群落,而没有对河流水库水体中浮游细菌和真核微生物群落进行系统的研究。

中国科学院城市环境研究所水生态健康研究组(杨军团队)以亚热带河流水库浮游微生物为研究对象,利用PMA处理水体中死亡微生物的DNA,结合16S rRNA和18S rRNA基因扩增子测序,对水体中总体和活体微生物群落时空动态进行了比较研究。结果表明,PMA处理和未处理的细菌和微型真核生物群落组成存在显著差异,微生物残体DNA的去除对微型真核生物群落的组成影响更强烈。微生物残体DNA的存在导致拟杆菌门(Bacteroidota)和硝化螺旋菌门(Nitrospirota)的相对丰度被低估,而其他细菌门类没有显著变化。微型真核生物群落中,微生物残体DNA去除后,一些浮游植物(如绿藻门、甲藻门和褐藻门)和真菌相对丰度显著增加,丝足虫和纤毛虫的相对丰度显著降低。此外,微生物残体DNA的去除削弱了跨营养级微生物共存网络的大小和复杂性,显著改变了环境因子与微型真核生物群落组成之间的相关性。然而,在PMA处理和未处理样品之间,细菌或微型真核生物群落的时间周转率没有显著差异。总的来说,水体中微生物残体DNA存在情况下,基于环境DNA分析中可能会模糊活体微生物群落组成、共生网络及其与环境因素之间的关系。未来研究中,有必要对淡水生态系统中微生物残体DNA的丰度、衰减率和功能进行深入研究。研究聚焦水环境中总体和活体微生物群落的组成与变化,有助于深刻认知河流水库微生物群落演替过程与机制。

(Bacteroidota)和硝化螺旋菌门(Nitrospirota)的相对丰度被低估,而其他细菌门类没有显著变化。微型真核生物群落中,微生物残体DNA去除后,一些浮游植物(如绿藻门、甲藻门和褐藻门)和真菌相对丰度显著增加,丝足虫和纤毛虫的相对丰度显著降低。此外,微生物残体DNA的去除削弱了跨营养级微生物共存网络的大小和复杂性,显著改变了环境因子与微型真核生物群落组成之间的相关性。然而,在PMA处理和未处理样品之间,细菌或微型真核生物群落的时间周转率没有显著差异。总的来说,水体中微生物残体DNA存在情况下,基于环境DNA分析中可能会模糊活体微生物群落组成、共生网络及其与环境因素之间的关系。未来研究中,有必要对淡水生态系统中微生物残体DNA的丰度、衰减率和功能进行深入研究。研究聚焦水环境中总体和活体微生物群落的组成与变化,有助于深刻认知河流水库微生物群落演替过程与机制。

研究结果以Relic DNA obscures DNA-based profiling of multiple microbial taxonomic groups in a river-reservoir ecosystem为题发表在生物学领域国际期刊Molecular Ecology。助理研究员薛媛媛为第一作者,杨军研究员为通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金、福建省中科院STS计划配套项目、中国水利水电科学研究院流域水循环模拟与调控国家重点实验室开放基金等项目的资助。

论文链接



河流水库水体中微生物残体DNA干扰微生物多样性示意图



©2006-2023中国科学院城市环境研究所 闽ICP备09043739号-1 版权所有 联系我们  
地址：中国厦门市集美大道1799号 邮编：361021 Email: Webmaster@iue.ac.cn

