

# 青藏高原微生物生物地理分布

时玉<sup>1</sup>, Joshua Ladau<sup>2</sup>, 井新<sup>3</sup>, 贺金生<sup>3,5</sup>, 陈立同<sup>5</sup>, Katherine S Pollard<sup>2</sup>, Jack A Gilbert<sup>4</sup>, 褚海燕<sup>1</sup>

(1) 中国科学院南京土壤研究所 (2) The Gladstone Institutes, University of California, San Francisco, CA, USA (3) 北京大学城市与环境学院(4) Argonne National Laboratory Biosciences Division, Argonne, Illinois, USA.(5) 中国科学院西北高原生物研究所

Email:hychu@issas.ac.cn

青藏高原是世界上海拔最高, 面积最大的高原, 其生态环境系统独特, 气候条件特殊, 孕育了特有微生物资源。目前, 对于该区域大范围的微生物生物地理分布的研究, 还处于空白。本研究致力于揭示青藏高原微生物分布模式, 明确青藏高原微生物群落分布驱动因子。本研究通过调查青藏高原植被数据, 结合土壤、气候以及地理信息数据, 利用 454 高通量测序技术, 初步研究青藏高原土壤细菌、古细菌多样性以及群落分布模式与格局, 利用种群分布模型制作了青藏高原土壤细菌群落及多样性分布图。青藏高原表层土壤细菌高通量测序结果表明, 放线菌为青藏高原土壤的主要优势菌门, 所占总体序列比达到 30.88%。青藏高原土壤细菌群落能受到多种土壤环境变量的显著影响, 其中以土壤碳氮比的影响最为显著; 同时发现不同植被类型下, 细菌群落有明显不同。青藏高原表层土壤古细菌高通量测序结果表明, 奇古细菌占了绝对优势, 占到了总共序列的 95.87%, 其次为嗜盐杆菌, 达到了 2.54%。这两类菌门占到了总序列的 98%。青藏高原土壤古细菌群落能受到多种土壤环境变量的显著影响, 其中以土壤含水量的影响最为显著; 同时发现不同植被类型下, 古细菌群落有明显不同。青藏高原土壤细菌分布预测模型表明, 细菌  $\alpha$  多样性在青藏高原东北部、东部以及中部地区具有较高, 而在西北部以及西部地区则较低。青藏高原细菌群落在东北部和中部地区相似性较高, 西北部以及西部地区相似性较高, 而东部与四川云南接壤地区细菌群落与其他地区细菌群落差异较大。 $\alpha$ -变形菌在预测图上表现为东部地区较西部地区具有较高丰度, 而  $\beta$ -变形菌则表现为东北部以及中部地区较西北部以及西部地区具有较高丰度。酸酞菌表现为在西北部、东北部以东南部较其他地区具有较低丰度。青藏高原土壤细菌预测模型预测因子分析结果表明, 降雨量的变化青藏高原土壤细菌群落分布模型的主要预测因子。细菌群落 110 年动态变化的气候预测因子研究表明, 50 年前的气候因素对青藏高原的细菌群落分布具有较强的影响力。本研究结果为青藏高原土壤微生物以及植物对未来亚洲以及全球气候变化响应的研究提供理论依据。

**关键词:** 青藏高原; 微生物地理分布; 驱动因子; 预测模型