植物所在土壤细菌群落多样性和酶动力学过程研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/10654.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

人类活动导致的氮沉降上升威胁着全球陆地生态系统生物多样性。土壤细菌群落多样性占陆地生物多样性的很大比例，对于调节陆地生物地球化学循环和生态系统功能至关重要。已有研究发现，土壤细菌群落多样性和结构受植物群落的影响，但不确定土壤细菌对氮沉降的响应是否与地上植物群落的响应一致。因此，探讨土壤细菌和植物群落对氮沉降响应的异同及互作机制，对预测未来氮富集背景下植物与微生物之间的相互作用具有重要的科学意义。

中国科学院植物所刘玲莉研究组基于内蒙古温带草原多水平氮素添加试验平台，采用高通量测序和整合分析等方法，研究草地土壤细菌和地上植物群落对于外源氮输入的响应。研究发现，随着外源氮输入的增加，植物多样性呈线性下降。然而，细菌多样性对氮输入呈非线性响应，当氮输入量超过32 g N m^{-2} y^{-1}，细菌多样性急剧下降，群落结构发生变化。结合同一研究区域中的4个多梯度氮添加实验的整合分析，进一步证实了细菌多样性对氮输入的非线性响应和阈值。研究人员分析发现，氮沉降下土壤细菌多样性和群落结构发生改变的机理不同。细菌多样性的丧失主要归因于土壤pH值降低，而细菌群落结构变化则由可利用氮增加、土壤酸化和植物群落改变共同调控，细菌群落由贫营养菌群向富营养菌群转变。该研究证实了植物群落和土壤细菌群落对氮富集的不同响应，发现土壤细菌多样性和群落组成对外源氮输入水平存在的阈值，为深入理解氮沉降下植物-微生物相互作用提供了新认识。

此外，研究人员通过分析土壤微生物水解和氧化酶的动力学过程参数V_{max}和K_m，发现外源氮输入下微生物呼吸降低由β-葡萄糖苷酶的V_{max}和K_m的降低直接调控。该结果否定了“氮沉降通过抑制酚氧化酶而减缓陆地生态系统土壤有机碳分解”的传统认知，为剖析土壤有机碳分解的微生物调控过程提供了新视角。

以上两项研究成果分别发表在*Ecology*和*Soil Biology and Biochemistry*上。副研究员刘卫星为论文第一作者，副研究员刘玲莉为论文通讯作者。研究工作受到国家重点研发计划、国家自然科学基金等的资助。

论文链接：1、2

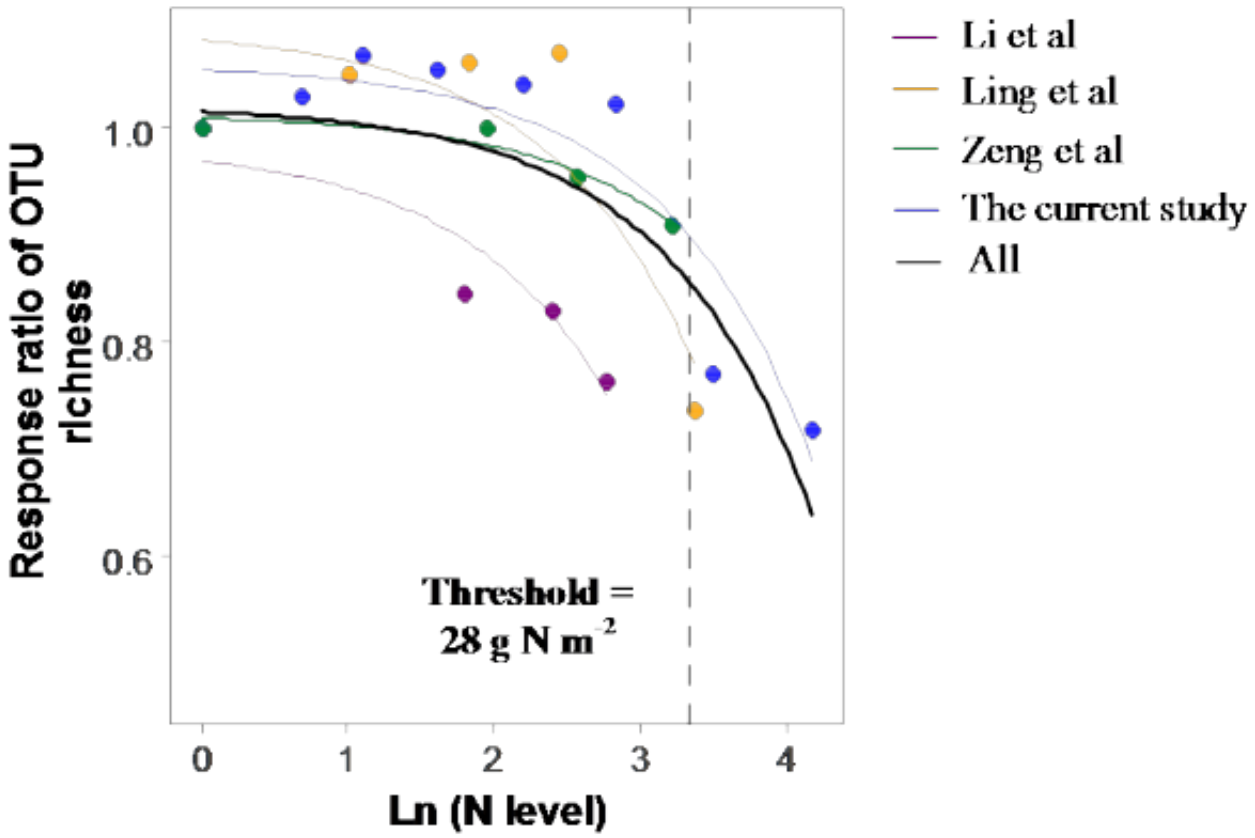


图1.土壤细菌多样性对氮输入的响应

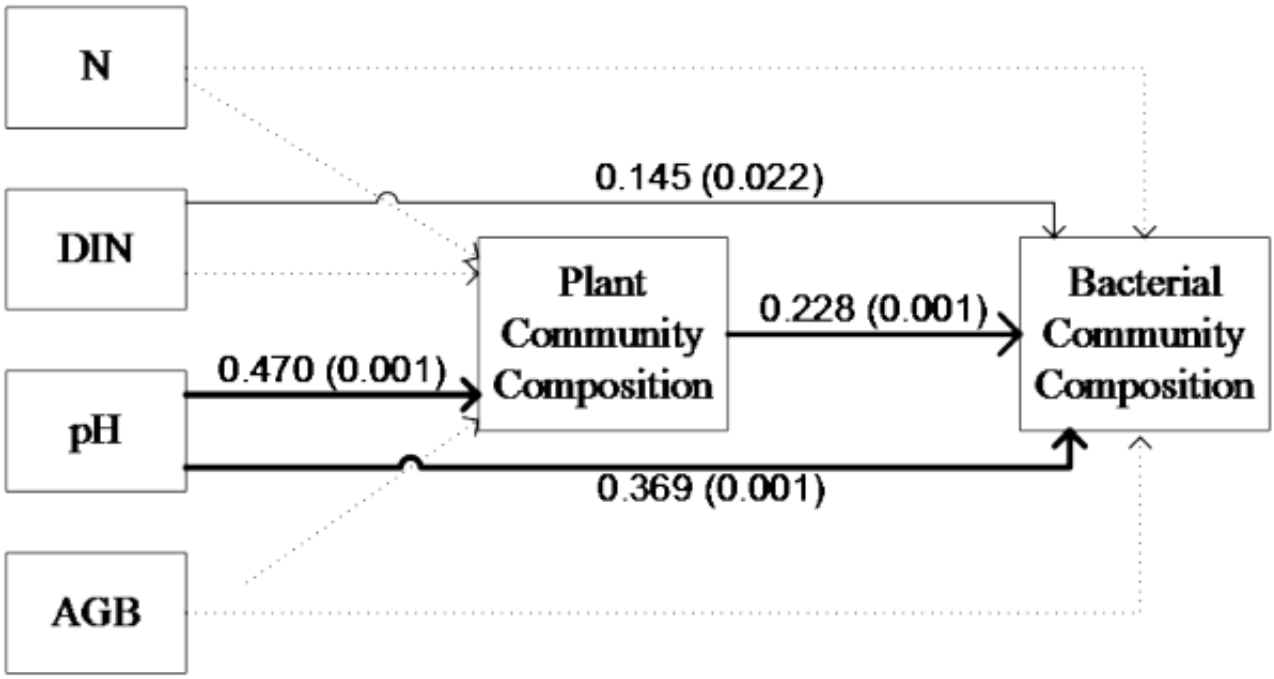


图2.细菌群落组成对氮输入响应的调控机制

研究团队单位：植物研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发