

成都生物所等在大尺度森林土壤固氮菌群落分布格局研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/11187.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！

生物固氮每年向陆地生态系统提供40~100 Tg的氮素，其中共生和自生固氮菌是生物固氮的主要贡献者，能将大气中的氮还原成氨，为植物生长提供有效氮，维持森林生态系统土壤肥力并提高植物生产力。因此，阐明固氮菌群落分布格局可为理解森林氮循环过程以及调控氮素供给策略提供支撑。

固氮菌群落分布特征在不同采样地点和生态系统类型之间有明显差异。前人针对森林、草地、农田等生态系统的小尺度研究显示，土壤pH与养分含量是固氮菌群落空间分布的决定性因子，而大尺度(>3000千米)条件下固氮菌分布是否仍受土壤变量主导，目前尚不清楚。以往研究关注同一区域不同林分下的土壤固氮菌群落特征，而不同气候带或森林类型下的固氮菌群落组成有何差异需进一步解答。此外，土壤C、N、P等大量元素在固氮菌分布格局中的作用已有较多研究，而土壤微量元素(Fe、Mo、Na、Mg、Al、Ca、Mn、Cu、Zn)的作用仍有待验证。

该研究对全国146个森林样地进行土壤采样，从五指山热带阔叶林到大兴安岭寒温带针叶林，跨越5类气候带和3种森林类型，并对土壤样品中的固氮菌nifH基因进行扩增子测序，测定土壤大量/微量元素含量、气候因子和植物相关变量。研究探讨各森林类型土壤固氮菌群落结构、组成、多样性的差异特征，揭示土壤/气候/植物变量对固氮菌空间分布的调控机理。

实验数据显示，我国森林土壤固氮

菌在纲水平上的组成主要是*Alphaproteobacteria*，其次是*Betaproteobacteria*，*Cyanophyceae*，*Actinobacteria*以及*Gammaproteobacteria*；在属水平上，嗜热型*Bradyrhizobium*与嗜冷型*Azospirillum*

占据不同的气候生态位。热带、亚热带、暖温带、温带、寒温带等不同气候带的固氮菌多样性/群落结构之间存在显著差异，且气候带与森林类型(阔叶林、针叶林、混交林)的交互作用对3种 α 多样性指标(observed OTUs、Chao1、Shannon indices)均产生显著影响。SMR、VPA、MRM、PLS-PM等统计结果表明，干旱指数(AI)和年平均温度(MAT)主要通过对其它变量的间接作用(如土壤pH、土壤养分和植物生产力)，主导森林土壤固氮菌多样性与群落结构的大尺度空间变异特征。土壤微量元素(Ca、Mg、Fe、Mn、Na、Cu、Zn)与植物变量(NDVI、植物覆盖度)对固氮菌群落分布的影响低于气候因子，并构成固氮酶的重要组成元素Mo，无法影响固氮菌的群落结构，这可能与森林土壤较高的Mo含量有关。此外，该研究发现研究范围从样地、区域向大尺度转变过程中，土壤变量的主导作用逐渐被气候因子所取代，即使统计变量中增加与固氮菌生理代谢相关的多种土壤微量元素，也无法扭转气候因子的主导地位。在全球变化背景下，干旱事件增加与气候变暖将改变固氮菌的群落分布格局，进而影响森林固氮潜力。

相关研究成果以*Broad-scale distribution of diazotrophic communities is driven more by aridity index and temperature than by soil properties across various forests*为题，发表在*Global Ecology and Biogeography*

上。中国科学院成都生物研究所研究员刘庆为论文通讯作者，副研究员赵文强、助理研究员寇涌萃为论文共同第一作者。研究得到中科院成都山地灾害与环境研究所研究员吴艳宏、副研究员邴海健的支持。研究工作受到国家重点研发计划、国家自然科学基金和中科院青年创新促进会等的资助。

[论文链接](#)

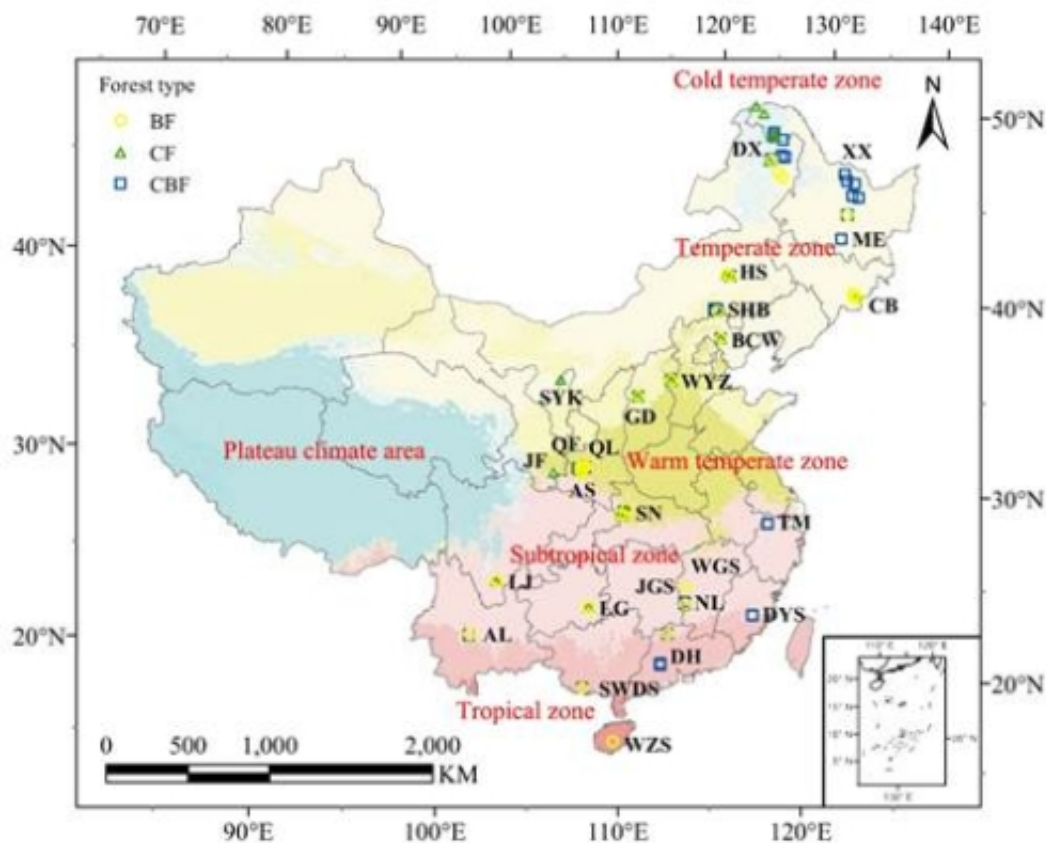


图1.全国森林土壤采样地点分布图（包括5种气候带与3种森林类型）

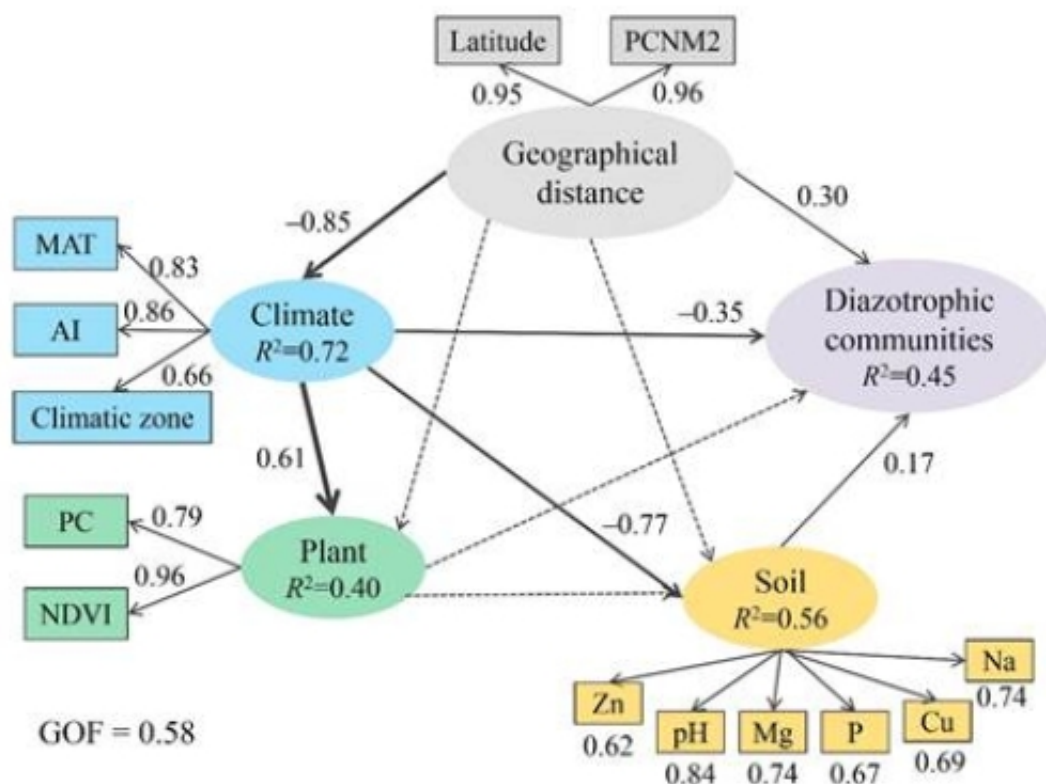


图2.地理、气候、植物与土壤变量对固氮菌群落结构的直接与间接影响

研究团队单位：成都生物研究所

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](https://www.iikx.com)转发