南京土壤所在华北平原小麦根际微生物群落相互关系研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/1725.html

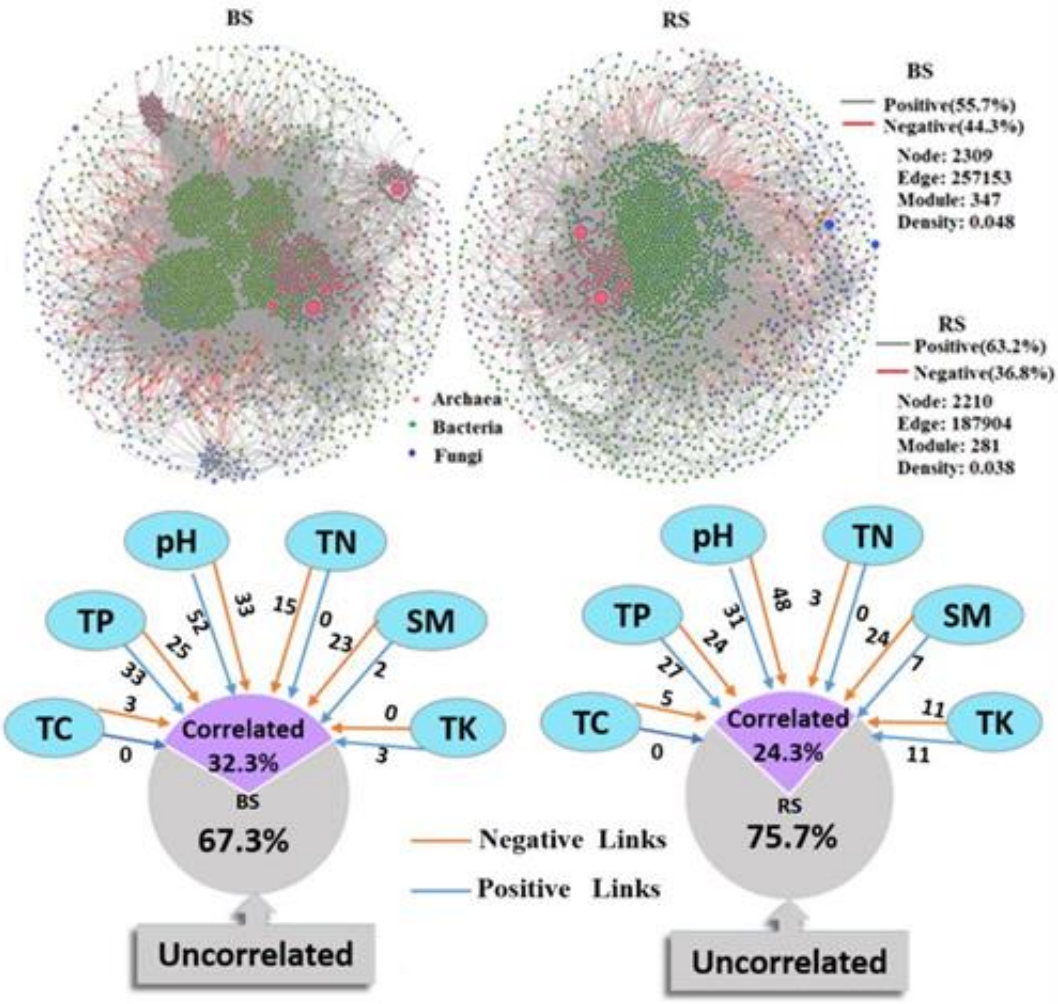
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

根际蕴含了丰富的微生物类群，根际微生物之间的竞争、合作关系共同促进了根际微环境的稳定及养分循环过程，对作物的生长和健康起着重要作用。根际微生物相互关系的研究目前主要局限在控制试验下，而缺乏大的空间尺度下根际古菌、细菌、真菌群落之间相互关系及其影响因素的研究。

基于此，中国科学院南京土壤研究所褚海燕课题组利用共存关系网络分析 (co-occurrence network) 研究了大尺度下华北平原小麦根际古菌、细菌、真菌群落之间的相互关系，重点探索根际微生物网络的复杂性与稳定性，并挖掘根际核心微生物 (keystone species) 菌群。研究发现，与非根际土壤微生物相比较，根际微生物网络结构相对简单却更加稳定;土壤pH与微生物多样性对网络的大小和连接性都起到正反馈作用;网络中的核心菌群具有相对灵活的代谢特征，并且根际中核心菌群受环境因子的扰动作用较小。该研究阐明了根际微环境中相对简单但更加稳定的微生物群落，解析了影响微生物网络特性的生物与非生物因素，并从网络结构稳健性角度挖掘了核心微生物菌群及其扰动因素，为今后重建稳定的农田微生物群落提供了科学依据。

该研究成果发表在Soil Biology and Biochemistry上。

文章链接



非根际与根际微生物共存网络(上图);环境因子对核心微生物的扰动(下图)。

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