质体基因组多样性演化机制获揭示

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/19062.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！

质体基因组多样性演化机制获揭示。

近日，中科院植物研究所研究员杨元合团队以青藏高原高寒草原生态系统为研究对象，依托野外长期氮添加控制实验平台，结合18O-DNA标记、高通量测序等技术揭示了氮添加影响土壤微生物CUE的新机制。相关研究成果发表于《全球变化生物学》。

工业革命以来，化石燃料燃烧和农业化肥使用等人类活动导致大气氮沉降增加。持续的氮输入会显著改变陆地生态系统结构和功能。作为表征微生物生理代谢的重要指标，土壤微生物碳利用效率（CUE）决定着微生物将吸收的碳分配至其生长和呼吸的比例，在很大程度上调控着氮输入背景下的土壤碳固持与分解过程。因此，阐明土壤微生物CUE对氮富集的响应机制是准确预测氮输入背景下土壤碳动态的前提。以往的研究主要关注氮输入引起的土壤酸化和微生物养分限制对CUE的影响，尚不清楚土壤矿物保护及其调节的土壤碳可获取性的作用。

在这项研究中，研究人员发现，矿物保护作用减弱引起的土壤碳可获取性增加是导致氮输入背景下微生物CUE增加的关键途径。这一发现并不支持微生物养分限制缓解和土壤酸化导致土壤微生物CUE变化的传统认识。通过进一步研究，他们发现矿物保护作用的减弱与植物多样性下降、真菌群落组成变化以及土壤草酸含量的增加有关。

该研究揭示了氮输入通过改变植物-微生物-矿物交互作用调控土壤微生物生理代谢过程的新机制，为准确理解氮富集背景下的土壤碳动态提供了新视角。（来源：中国科学报田瑞颖）

相关论文信息：https://doi.org/10.1111/gcb.16229

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：杨元合等 来源：《全球变化生物学》

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