
研究揭示典型红壤水稻土中细菌群落构建机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20311.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！

研究揭示典型红壤水稻土中细菌群落构建机制

。水稻是人类种植的重要粮食作物之一。水稻生长期需要充足水分，与旱作土壤差异明显，故长期植稻形成特有的水稻土类型。土壤肥力是作物产量的重要决定因素。栖息在土壤中的微生物是驱动土壤养分周转的关键，而环境选择是决定微生物群落构建的重要因素。水稻土中微生物群落如何构建、驱动因素是什么？这一关键科学问题有待回答。

中国科学院西双版纳热带植物园生物入侵研究组助理研究员李委涛与合作者，选择江西典型红壤水稻土，分层采集土壤，借助高通量测序与荧光定量PCR技术分析细菌群落多样性及丰度。该研究基于零模型计算 NTI值，解析细菌群落构建机制。研究发现，上表层土壤（0-10 cm）细菌群落构建主要是随机过程，水稻土长期淹水，微生物随水流迁徙，导致微生物群落结构相对均一化。随土层深度增加，微生物扩散限制愈加明显，尤其是下表层土（20-40 cm），微生物群落结构与形成土壤的母质关联更为紧密。10-20 cm土层似“廊道”，微生物自表层土壤向下“迁徙”。随土层深度增加，养分越来越贫瘠，微生物多样性降低，而微生物之间互作强度增加，养分和微生物互作是影响微生物群落构建的关键因子。该研究通过采集不同土层深度土壤样品，揭示细菌群落构建机制，丰富微生物生态学重要理论，并为土壤学研究提供重要参考。

相关研究成果以[Depth effects on bacterial community assembly processes in paddy soils](#)为题，发表在SoilBiologyandBiochemistry上。

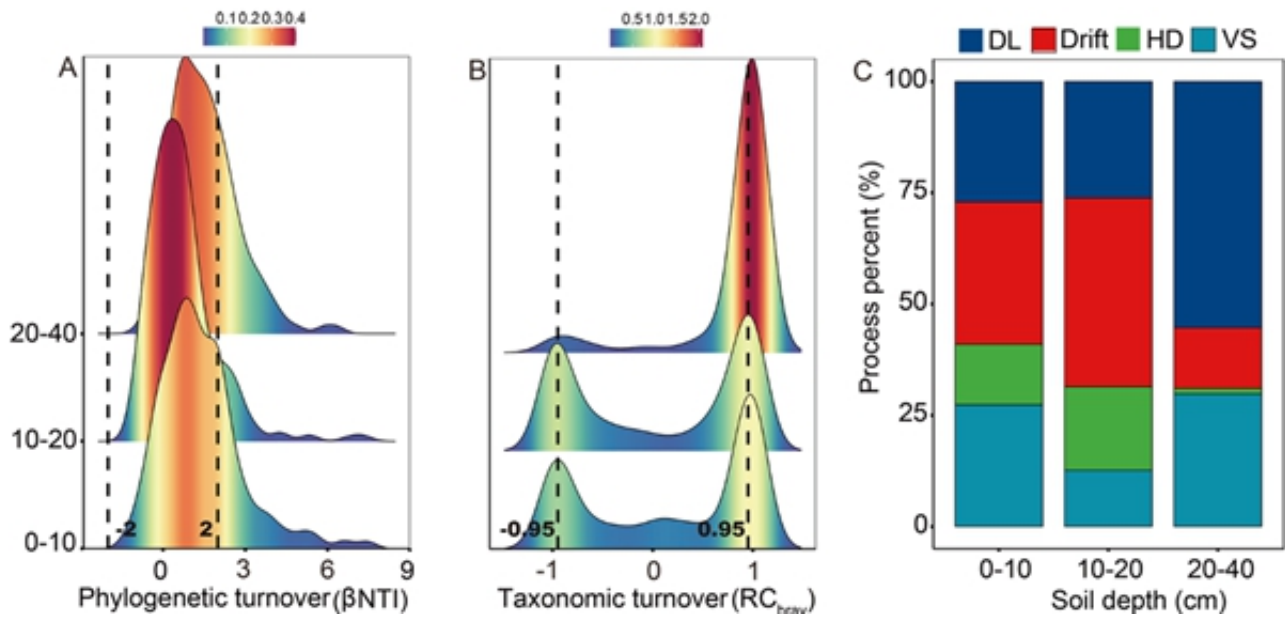


图1.不同土层中细菌群落构建过程

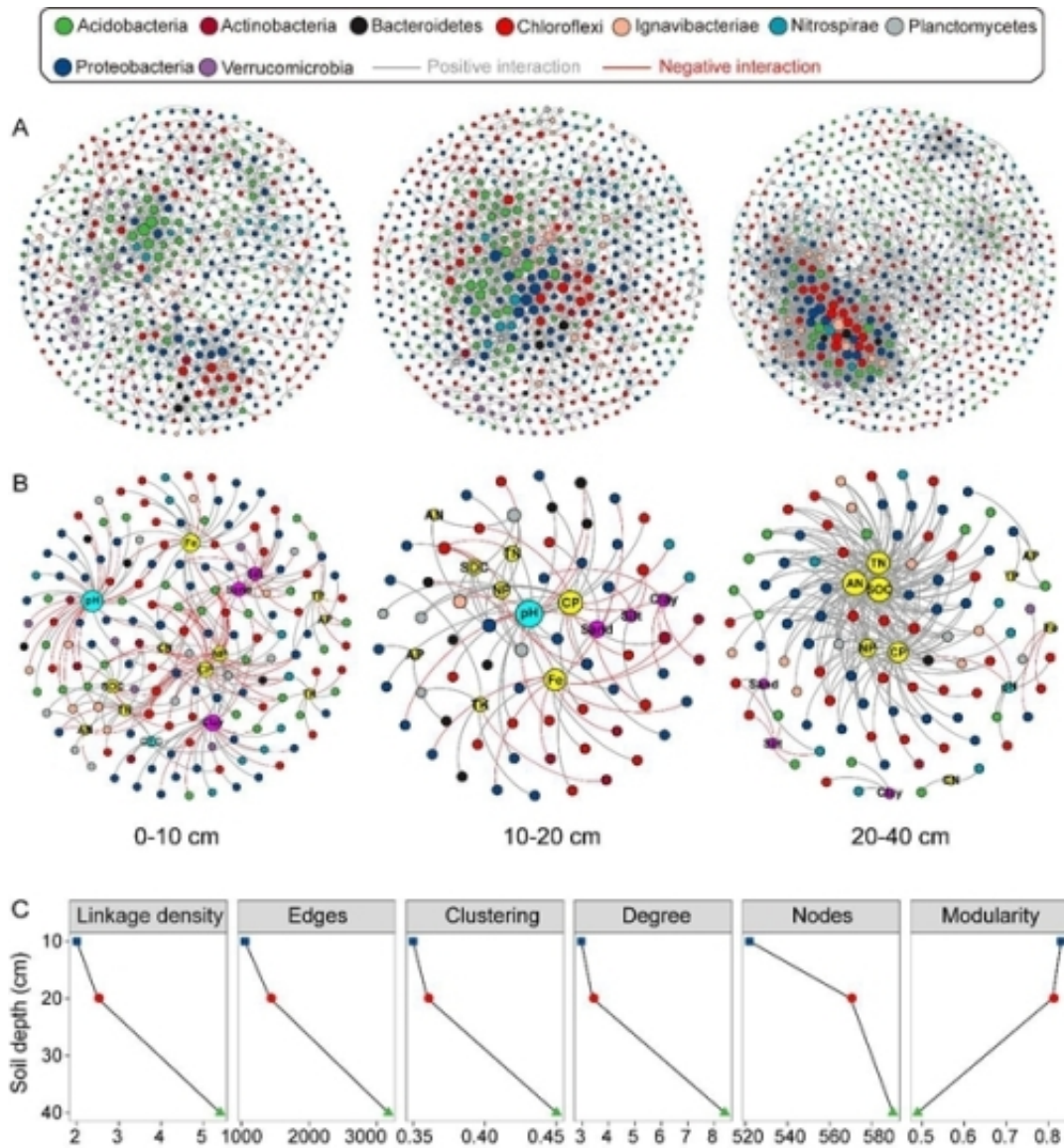


图2.不同土层细菌共发生网络拓扑结构

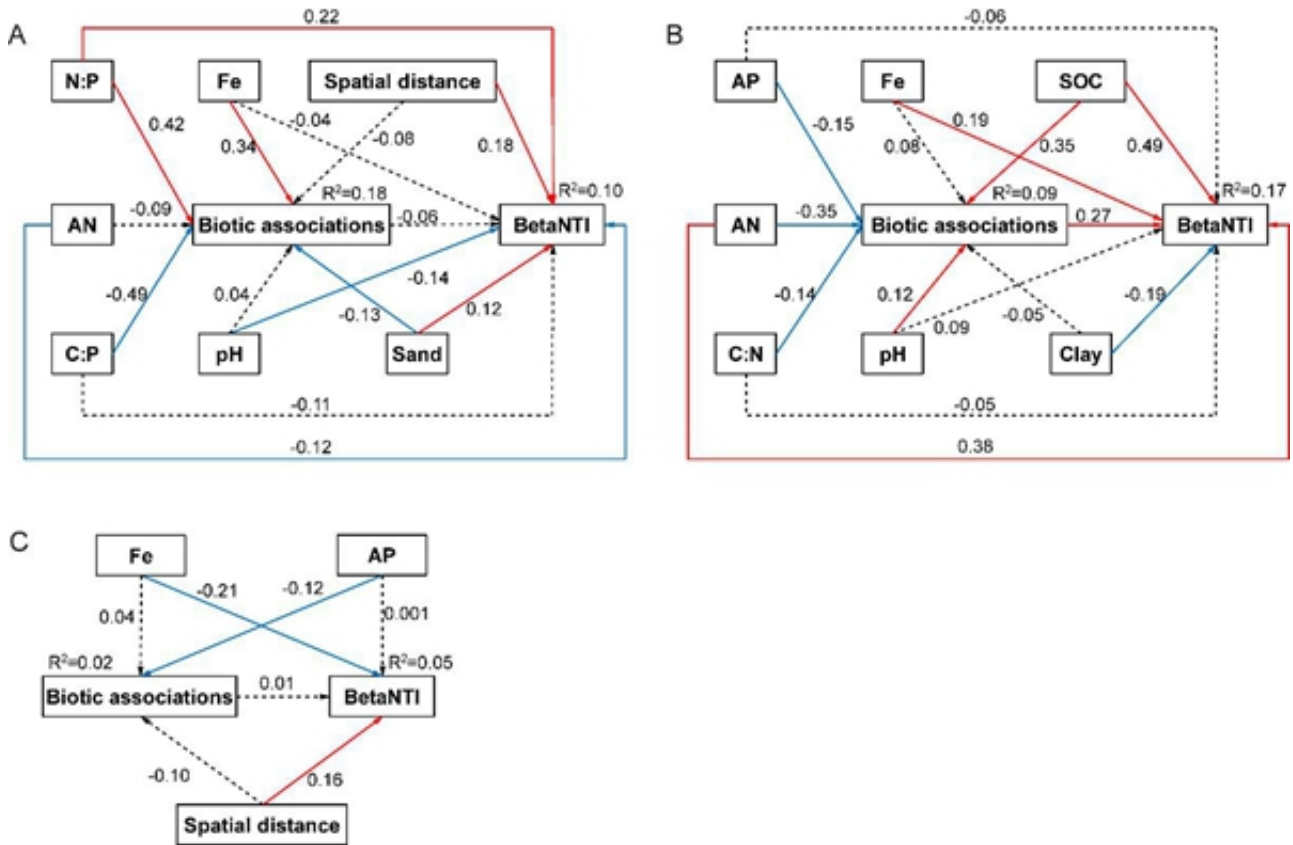


图3.土壤理化及物种互作对 NTI的直接及间接作用

研究团队单位：西双版纳热带植物园

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