
东北地理所揭示CO₂浓度升高对大豆根际固氮微生物群落结构的影响

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/2199.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！

CO₂浓度升高会促进豆科植物的根瘤形成和氮素固定，从而影响土壤氮循环过程，而这些过程均与固氮细菌的群落结构密切相关。明确土壤固氮细菌群落结构组成对于提高豆科植物的固氮能力、提高氮素匮乏的土壤中固氮细菌的数量以及增加土壤氮素含量有着重要意义。

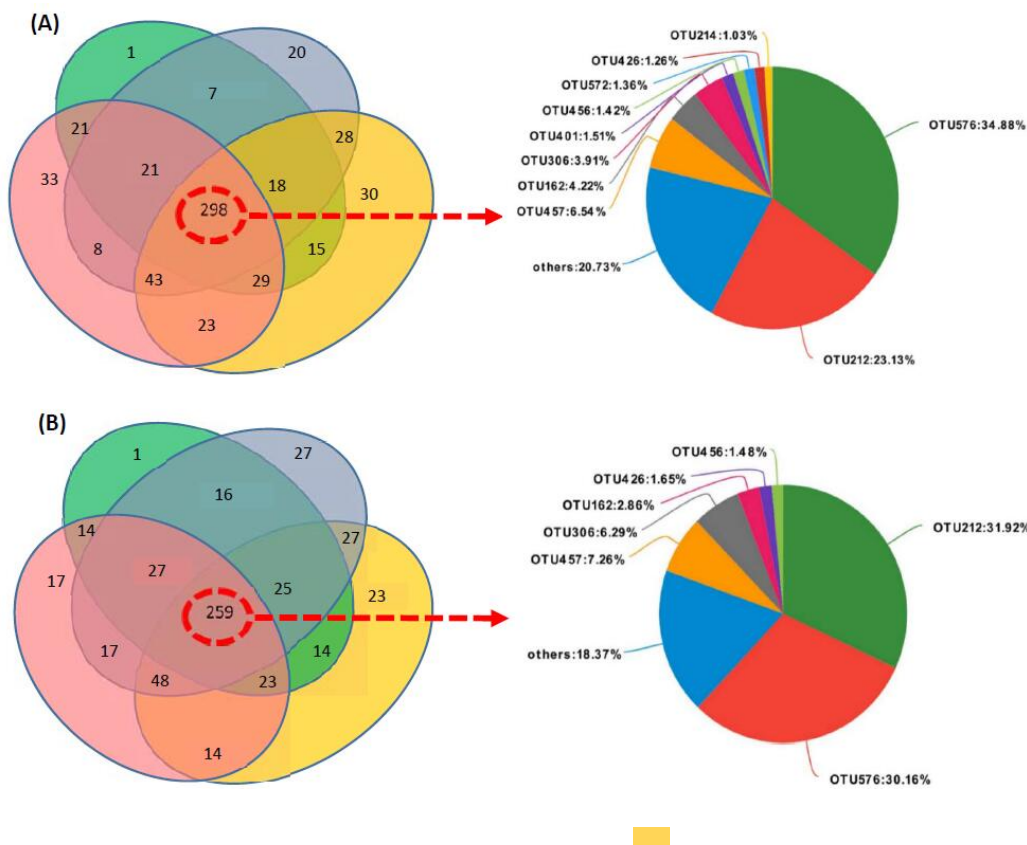
大豆是我国重要的农作物，对保障粮食生产安全有着重要意义，我国东北是大豆集中产区之一。已有研究表明二氧化碳浓度升高会增加东北地区不同大豆品种根瘤的数量、重量和密度，同时还发现3个根瘤菌属的数量在二氧化碳浓度升高时会显著上升。但是，由于实验技术和手段的限制，以往研究只是针对二氧化碳浓度升高如何影响根瘤性状和土壤细菌群落结构的变化，关于CO₂浓度升高对固氮细菌丰度和群落结构的研究较少，尤其针对CO₂浓度升高对东北黑土豆科植物nifH基因的丰度和群落结构如何影响的研究还未见报道。

为此，中国科学院东北地理与农业生态研究所农田分子生态学科组助理研究员于镇华和研究员金剑等采用qPCR及高通量测序(MiSeq)技术，对比研究了高CO₂浓度(550 ppm)与正常CO₂浓度(390 ppm)条件下东北地区4个主栽大豆品种根际固氮细菌群落结构丰度和组成的差异，旨在揭示东北大豆根际固氮细菌丰度和群落结构对二氧化碳浓度升高的响应规律，及其与根瘤相关性状的关系。结果表明CO₂浓度升高显著提高了部分大豆品种根际nifH基因丰度，并且nifH基因丰度与根瘤密度呈负相关($p < 0.01$)，而与单个根瘤重量呈正相关($p < 0.01$)。其次，发现Skermanella属(28.1 – 53.8%)和Rhizobiales的部分未知属(24.2 – 41.9%)是东北大豆根际土壤固氮细菌的主要成员。主成分分析表明CO₂浓度升高并没有显著改变固氮细菌的群落结构组成，归其原因是根际固氮细菌的核心OTU成员并未受到CO₂浓度升高的影响(如图)，说明CO₂浓度升高会刺激大豆根际固氮细菌的生长而不会改变其群落结构，这与大豆品种和大豆结瘤对高CO₂浓度的响应有关。

相关研究结果发表在Biology and Fertility of Soils上，于镇华为第一作者，金剑为通讯作者。研究得到中科院百人计划、黑龙江省杰出青年科学基金(JC201413)以及国家自然科学基金(41201247, 41271261, 31501259)的联合资助。

论文信息：Zhenhua Yu, Yansheng Li, Guanghua Wang, Caixian Tang, Yanhong Wang, Junjie Liu, Xiaobing Liu, Jian Jin. 2018. Elevated CO₂ alters the abundance but not the structure of diazotrophic community in the rhizosphere of soybean grown in a Mollisol. *Biology and Fertility of Soils*. 54: 7: 877 – 881.

论文链接



图：CO₂浓度升高(eCO₂)(A)和正常浓度(aCO₂)条件下(B)不同大豆品种根际固氮细菌群落OTU韦恩图小黄金，绥农8，绥农14，黑农45

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](http://www.iikx.com)转发