东北地理所在微塑料残留对黑土及微塑料圈中微生物氮代谢影响机制方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/22227.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！

东北地理所在
微塑料残留对黑土及微塑料
圈中微生物氮代谢影响机制方面取得进展
。微塑料通常指粒径小于5mm的塑料纤维、碎片或颗粒等，其广泛分布与急剧增加已成为全球性环境污染热点问题。农用地膜是陆地生态系统微塑料污染的重要来源之一，微塑料长期残留累积于土壤中，必然扰动微生物介导的土壤养分循环过程，进而影响土壤质量与作物健康。然而，黑土氮循环关键功能微生物对微塑料残留的响应机制尚不清晰。

为此，中国科学院东北地理与农业生态研究所研究人员基于室内微宇宙模拟培养实验体系，将传统（聚乙烯，PE-MP）和生物可降解（聚乳酸-己二酸对苯二甲酸丁二醇酯，BMP）微塑料添加至黑土样品中，于培养结束时（90天）开展微生物组宏基因组测序，研究土壤与微塑料圈中氮循环相关功能微生物对微塑料残留的响应特征。

研究表明，培养结束时BMP的比表面积、孔容孔径均明显大于PE-MP，同时BMP表面可发现大量微生物附着。BMP残留而不是PE-MP显著改变土壤氮循环相关功能微生物群落。微塑料圈中氮代谢功能类群与土壤中也存在显著分异，微塑料圈促进了氮降解、氮固定和同化硝酸盐还原过程，但抑制了硝化和反硝化过程，其中BMP微塑料圈引起更为显著的改变（图1）。

BMP与PE-MP微塑料圈中氮代谢关键微生物组成也存在明显差异，变形菌在BMP上显著富集而PE-MP微塑料圈增加了放线菌丰度，其中Ramlibacter主导了BMP与PE-MP微塑料圈中多条氮代谢差异途径，BMP残留增加土壤中Ramlibacter丰度的同时刺激该菌在微塑料圈中的进一步富集。该研究利用宏基因组binning技术拼接获得29个高质量基因组，均分类为变形菌和放线菌，其中bin115.bin53和bin26都分类为Ramlibacter，这3个新型物种基因组（ANI<95%）含有调控氮降解、氮固定和同化硝酸盐还原代谢路径的多个拷贝基因，这些代谢路径共同指向于铵态氮的生成。进一步研究发现，BMP微塑料圈中的微生物物种调控氮代谢合成自身所需氮素的同时，通过携带的氨转移基因，可将微塑料圈中的有效氮素转运到土壤中，通过测定土壤中铵态氮的含量发现，BMP残留土壤中的铵态氮含量的确高于CK和PE-MP土壤，进而验证了微生物基因组氮代谢机制（图2）。该研究揭示出生物可降解地膜源微塑料较传统地膜促进土壤有效氮素累积，为推进传统地膜的减量与替代提供了微生物学理论依据。

研究成果近期发表在*Journal of Hazardous materials*

上。研究工作得到中科院战略性先导科技专项、中科院青年创新促进会和黑龙江省自然科学基金重点项目的资助。

论文链接

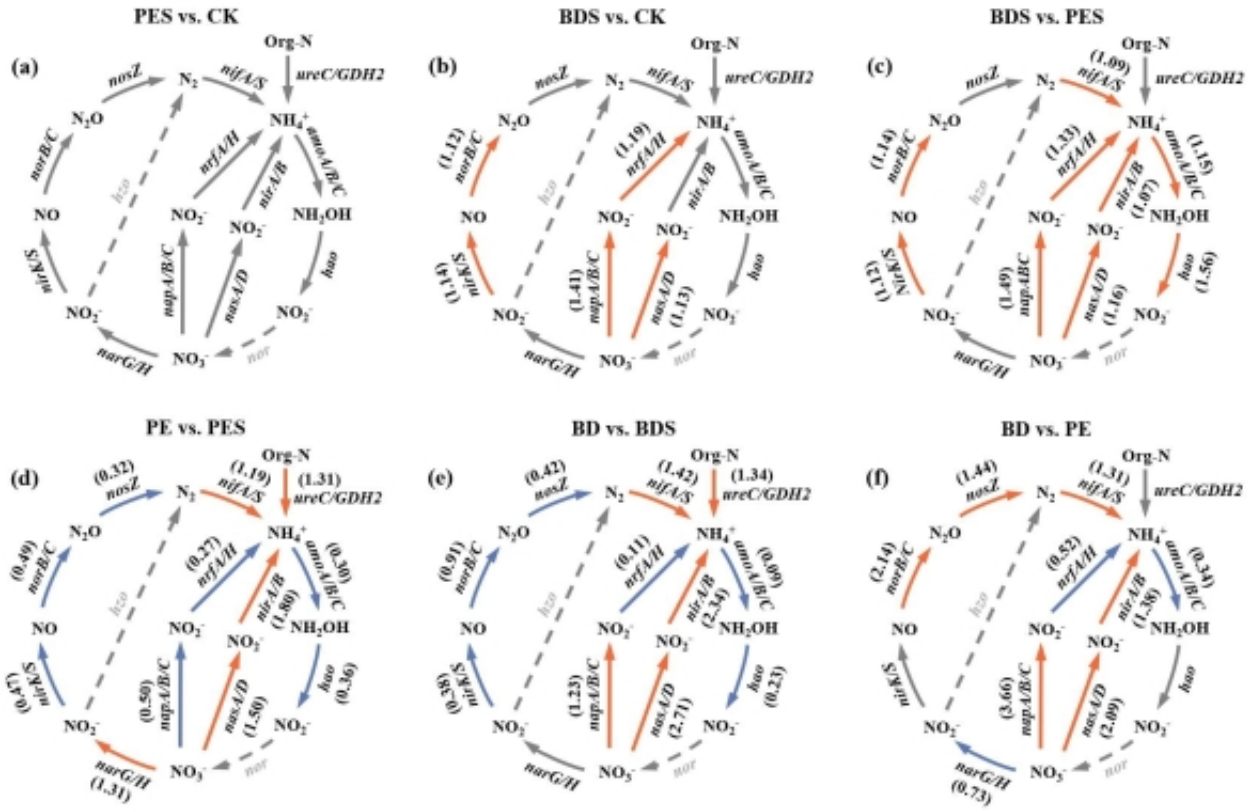


图1微塑料残留改变土壤和微塑料圈中微塑料氮循环代谢过程

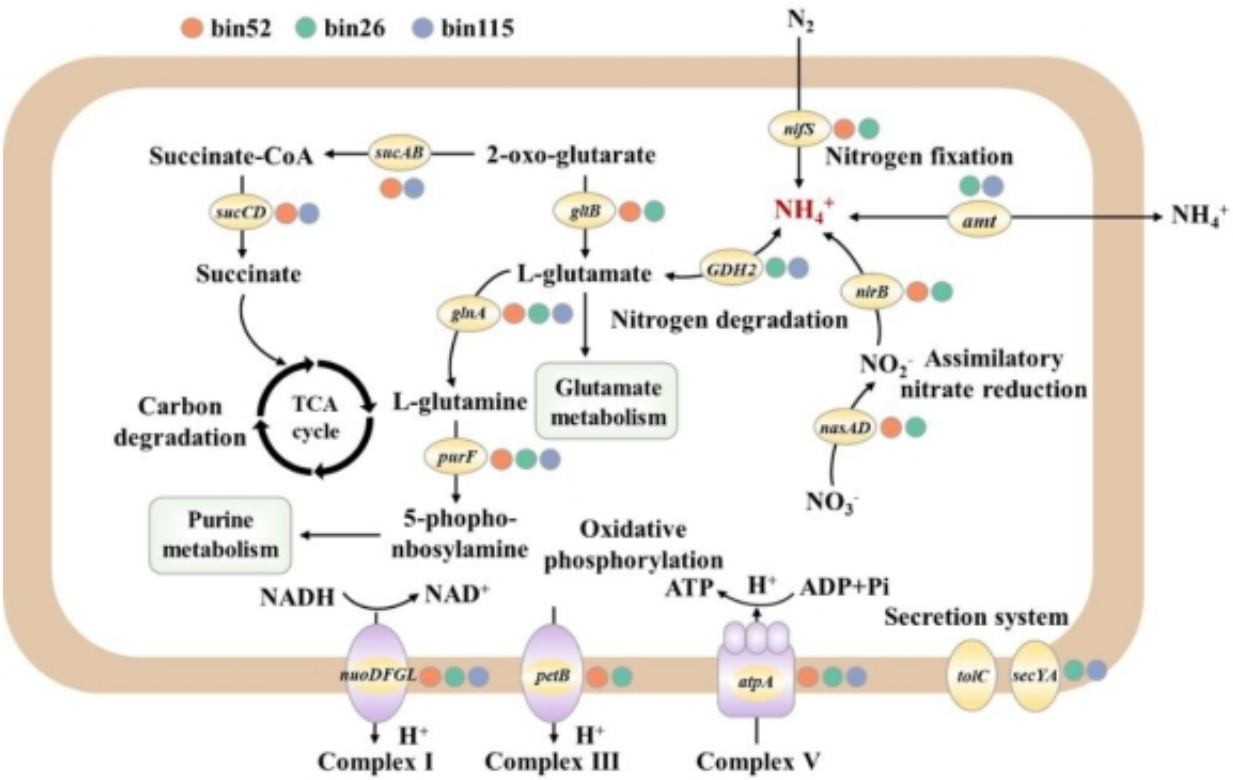


图2BMP微塑料圈中氮代谢关键微生物调控路径

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

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转发