
东北地理所在长期保存的干燥土壤应用于微生物生态学研究方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/23184.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！

东北地理所在长期保存的干燥土壤应用于微生物生态学研究方面取得进展

土壤样品的长期保存方法一直是土壤微生物学研究的难点和热点。新鲜土壤的超低温冷冻保存被认为是研究土壤微生物的黄金标准，但其操作难度大、成本高，无法广泛应用。自然风干土壤通常被认为不适于土壤微生物研究，但却是长期保存土壤样品的普适性方法，并被广泛用于土壤物理化学性质测定。然而，活性微生物是保存土壤用于微生物的分离培养或功能鉴定研究的主要目标，干燥土壤和新鲜土壤中是否含有相同的活性微生物群尚属未知，如何准确鉴定两类土壤中的活性微生物群是一个难题。近日，中国科学院东北地理与农业生态研究所研究人员利用实验室冻存(-80)7年的原位施肥土壤与其相应的自然风干土壤，采用叠氮溴化丙锭(PMA)核酸染料共价结合膜受损的死细胞DNA和游离DNA(统称为relic DNA)来筛选活性微生物群的方法，通过分析PMA处理前后的风干土壤与冻存土壤中微生物群落的变化规律，评价长期干燥保存对土壤中活性微生物群落组成的影响。

研究表明，长期干燥保存对土壤细菌多样性和群落结构产生显著影响，自然风干土壤中细菌群落多样性是冻存土的46.8%，而去除relic DNA后的风干土壤细菌多样性恢复了13.3%且明显减小了与冻存土细菌群落结构的差异(图1)。风干土壤保存了超过90%序列数的细菌门，但在属水平上细菌对干燥压力产生差异性应对策略(图2)。尽管如此，土壤干燥保存没有显著改变长期施肥对土壤细菌多样性、群落结构和群落抗性影响的遗留效应，即长期化肥添加显著改变了细菌群落结构且降低了细菌群落多样性。此外，土壤干燥保存减弱了细菌共线性网络结构的稳定性，但去除relic

DNA后的风干土壤明显恢复了微生物网络特性。该研究提出了利用PMA核酸染料去除土壤中relic DNA的方法，可改善长期干燥保存对土壤微生物群落的负面影响，同时施肥对土壤细菌的遗留效应在保存长达7年的风干土壤中仍可检测到，表明长期保存的历史土壤样品或可用于不同农业管理下土壤微生物分子生态学研究。

相关研究成果近期发表在《土壤和耕作研究》(Soil and Tillage Research)上。研究工作得到国家自然科学基金、中国科学院青年创新促进会和中国科学院战略性先导科技专项等项目的资助。

[原文链接](#)

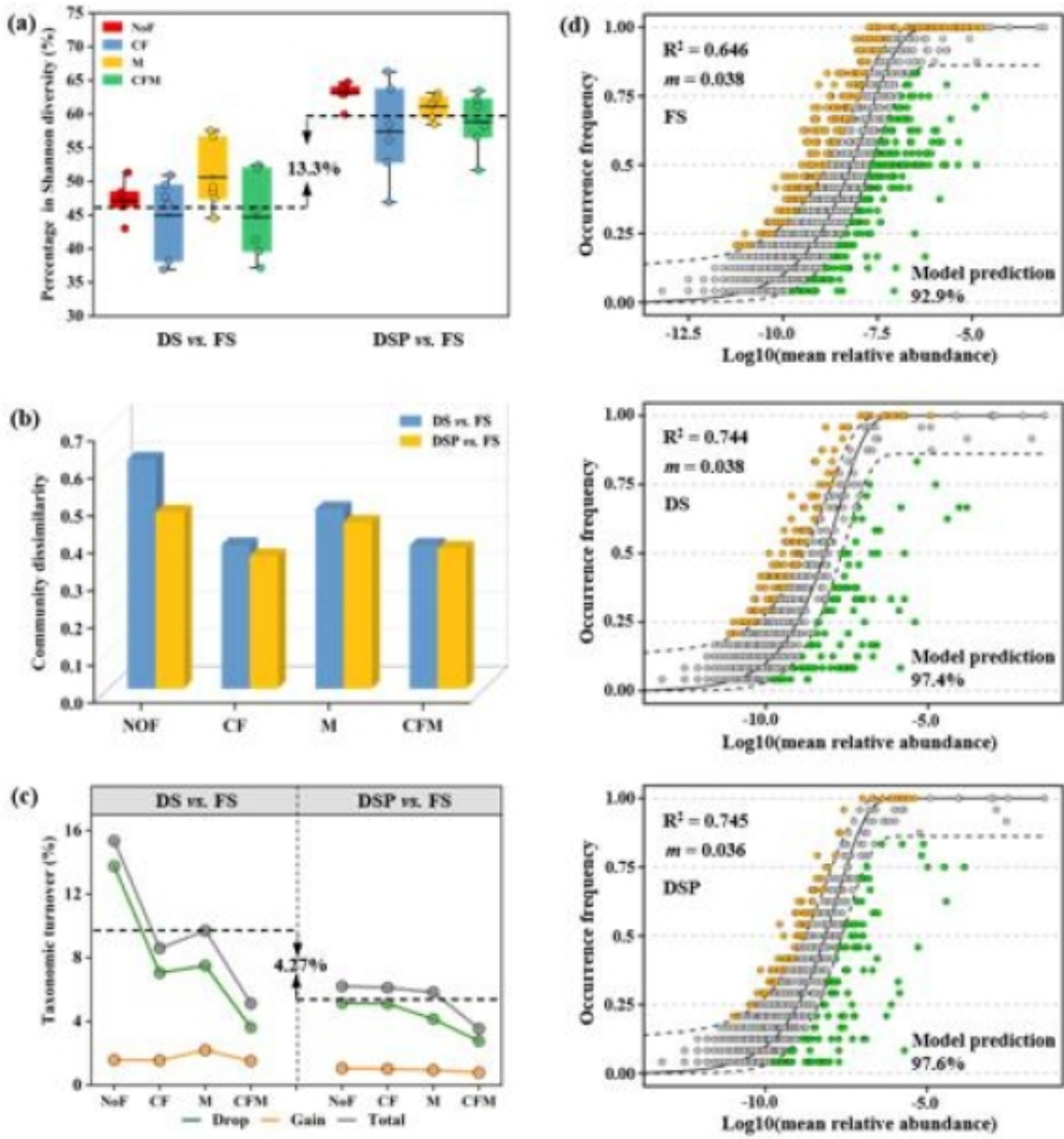


图1 PMA处理前后干燥土壤与冻存原位土壤细菌群落的差异比较

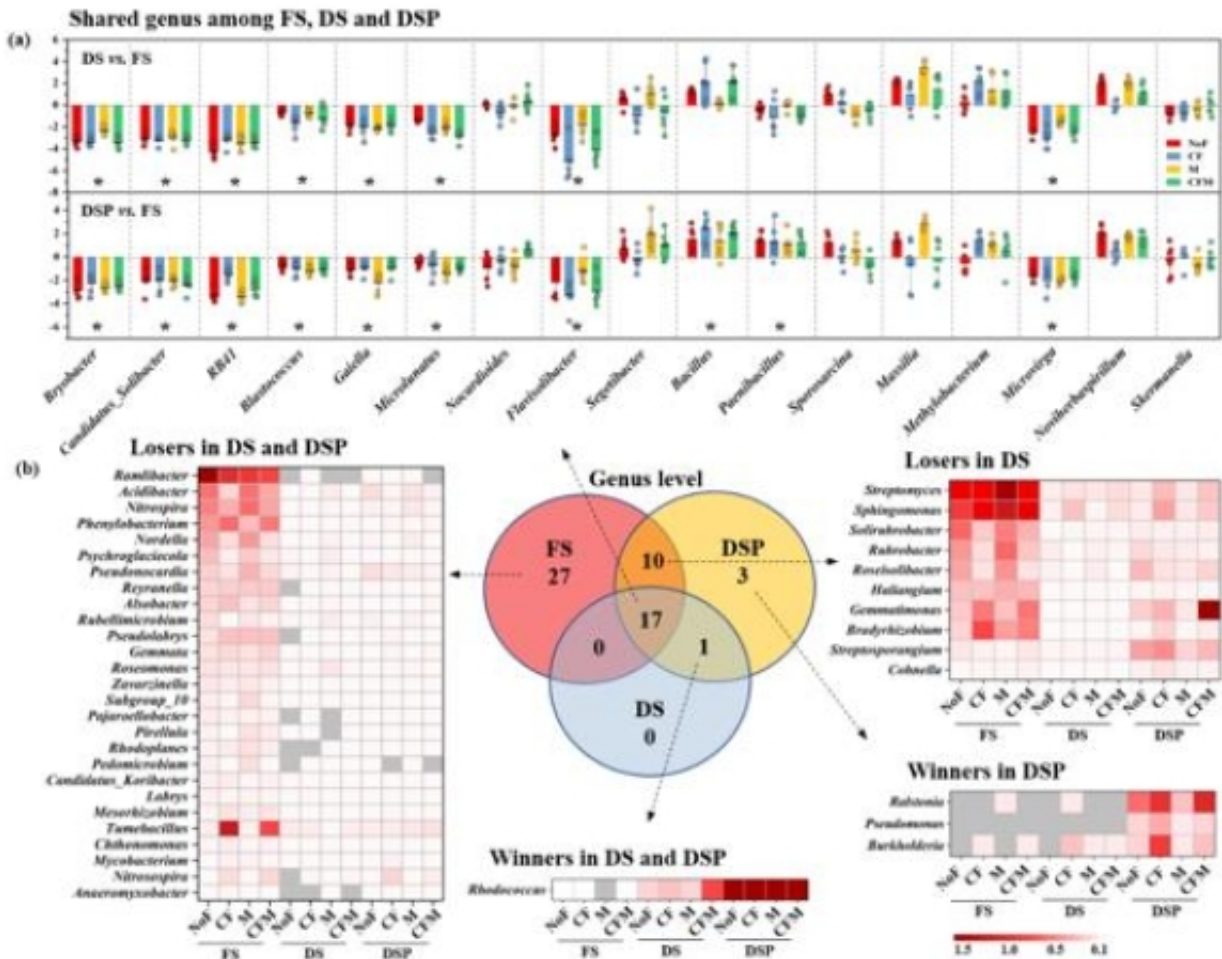


图2 PMA处理前后干燥土壤与冻存原位土壤细菌属的共性和异性

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](https://www.iikx.com)转发