

---

# 研究揭示黑土大豆根际微生物组特征

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/39178.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！**

## 研究揭示黑土大豆根际微生物组特征

。近日，中国科学院微生物研究所研究团队采用宏基因组学技术，系统分析了黑土地大豆土壤、根际、根系及根瘤的微生物群落组成与功能特征，解析了黑土大豆核心微生物资源，为黑土肥力维持、大豆高效固氮及生物菌剂研发提供了重要理论支撑与候选菌株。

研究发现，黑土大豆根际与根瘤微生物群落组成高度相似。其中，Proteobacteria为优势菌门，且Bradyrhizobiaceae占绝

对主导地位。LEfSe分析表明，黑土大豆根

系中富集了Streptomyces、Variovorax

等促生菌，这类菌株可通过调控植物激素、优化根系结构，增强大豆抗逆性与养分吸收能力。在功能层面，黑土大豆根际和根瘤微生物在群体感应、鞭毛组装、细菌趋化等通路显著富集，体现出高效的宿主定殖、信号交流及养分吸收能力。基于宏基因组数据，研究团队共分析鉴定出380

种根瘤菌，分属9个主要属，分别为Rhizobium、Mesorhizobium、Bradyrhizobium、

Sinorhizobium、Azorhizobium、Pararhizobium、Neorhizobium、Pseudorhizobium及

Paramesorhizobium。其中，Pseudorhizobium与Paramesorhizobium

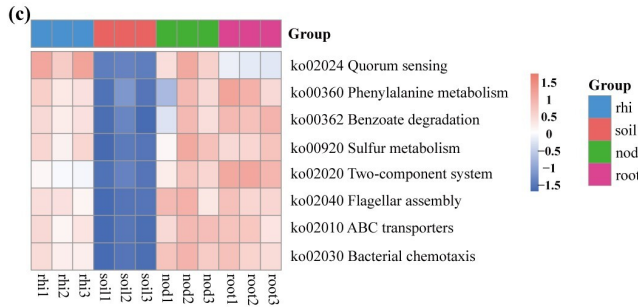
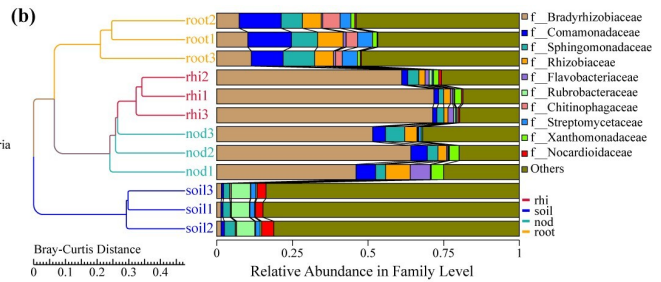
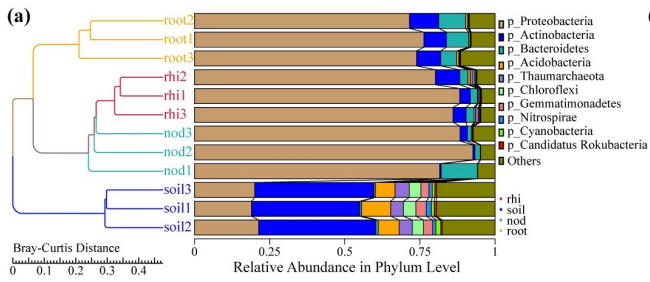
这两个属目前尚无文献报道具备固氮功能。此外，研究团队通过对根瘤内生菌的分离培养，获得了黑土区优势慢生根瘤菌及其他内生细菌，分离结果与根瘤宏基因组数据一致。

该研究构建了黑土大豆根际微生物组数据库，系统揭示了其微生物组组成与功能特征，为东北地区大豆种植中微生物菌剂的研发与应用奠定了基础。

相关研究成果发表在《植物、细胞与环境》(Plant, Cell

Environment)上。研究工作得到国家自然科学基金委员会和中国科学院的支持。

[论文链接](#)



Order	Family	Genus	Species
	<i>Bradyrhizobiaceae</i> (100)	<i>Bradyrhizobium</i>	100
		<i>Neorhizobium</i>	2
		<i>Pararhizobium</i>	3
	<i>Rhizobiaceae</i> (169)	<i>Rhizobium</i>	143
		<i>Sinorhizobium</i>	20
<i>Rhizobiales</i> (380)		<i>Pseudorhizobium</i>	<i>Pseudorhizobium pelagicum</i>
		<i>Mesorhizobium</i>	103
<i>Phyllobacteriaceae</i> (104)	<i>Paramesorhizobium</i>		<i>Paramesorhizobium deserti</i>
<i>Xanthobacteraceae</i> (7)	<i>Azorhizobium</i>		7

## 大豆根际微生物群落结构与组成

研究团队单位：微生物研究所

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