
沈阳生态所揭示氮素驱动下土壤病毒与细菌的响应和互作过程

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/4764.html>

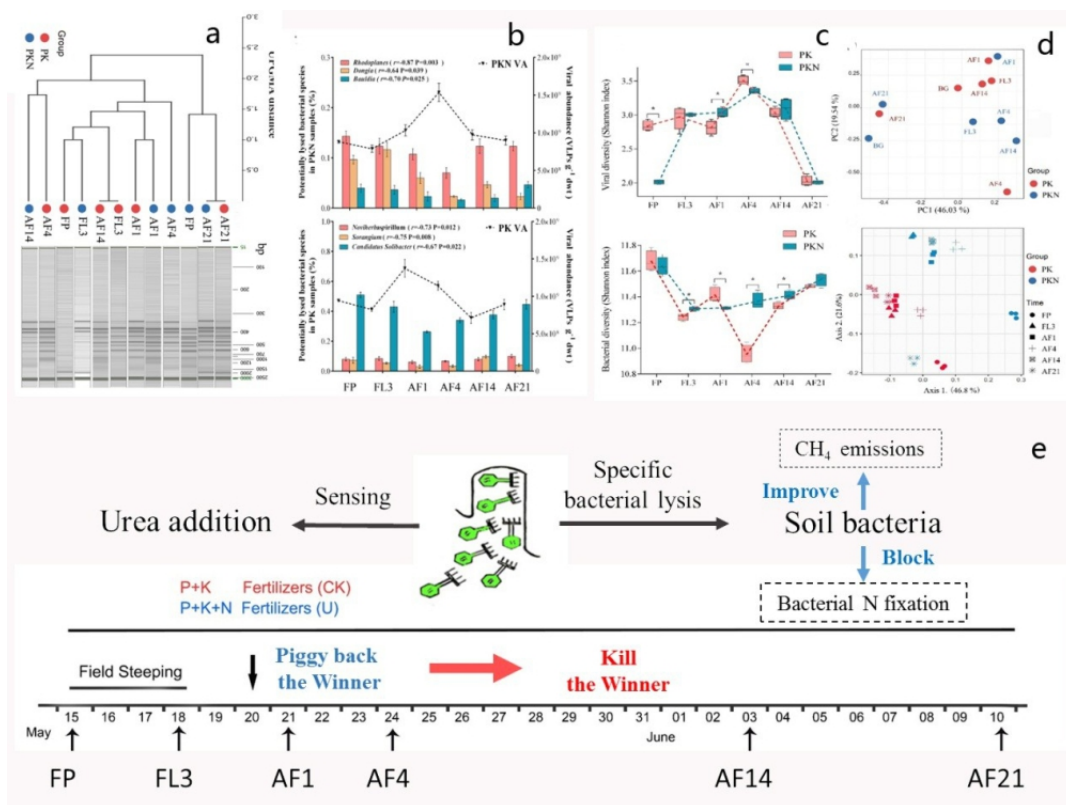
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

沈阳生态所揭示氮素驱动下土壤病毒与细菌的响应和互作过程。土壤细菌是陆地生态过程的重要驱动者，而土壤病毒则是细菌多样性与活性的关键调控推手。土壤病毒能够识别和响应环境因子变动，并特异性裂解某些细菌功能群，以平衡土壤物质循环，土壤中大约30%-50%的细菌死亡事件与病毒裂解有关。然而，受限于土壤的异质性，土壤中病毒与细菌的互作方式一直是土壤生态学的研究黑箱。土壤病毒如何响应氮素变化、调控细菌微生态系统以驱动氮素循环，更是研究盲点。由于旱田土壤对病毒移动性的限制(由异质性导致)在水田中极其微弱，水田土壤是研究病毒与细菌互作的优良模型。

中国科学院沈阳应用生态研究所环境微生物组基于沈阳生态站长期控制施肥稻田耕作试验平台，采用落射荧光病毒计数，扩增子测序，RAPD-毛细管电泳图谱，气相色谱等方法，对稻田农艺措施(干湿交替，尿素施用)诱发的土壤病毒-细菌互作过程，及其对稻田土壤氮素的调控模式进行了观测和研究。

结果显示，土壤病毒能够快速响应土壤氮素丰度的改变，并实时地特异性裂解固氮细菌以封闭土壤从大气中摄取氮素的微生物过程。同时，甲烷产生菌成为此次下行调控中的最大受益者，其种群丰度及活性被显著提升。同时，该研究观测到土壤病毒在尿素施入初期并未选择杀死过剩的细菌，而是更多地搭乘细菌以维持更大的生物量，为随后剧烈的下行调控做准备。这种韬光养晦的“Piggy-Back-Winner”策略以往仅见于海洋病毒群落，该研究首次在土壤微生态系统中观测并报道了上述病毒-细菌互作模式。

相关成果以Dynamics of Bacterial and Viral Communities in Paddy Soil with Irrigation and Urea Application 为题发表在病毒学期刊Viruses上(Doi: 10.3390/v11040347)。沈阳生态所博士生李玉婷为第一作者，研究员徐慧为通讯作者。



图片说明：a: 土壤病毒多样性RAPD毛细管电泳图谱及聚类分析，b: 氮素驱动下土壤病毒特异性裂解物种丰度及时空动力学特征，c: 氮素驱动下的稻田土壤病毒/细菌多样性，d: 氮素驱动下土壤噬菌体/细菌群落分布特征，e: 氮素驱动下土壤噬菌体与细菌的交互模式和互作模型

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