南京土壤所揭示生物炭负激发效应的微生物关键物种竞争作用机制

作者：writer 来源：中国科学院

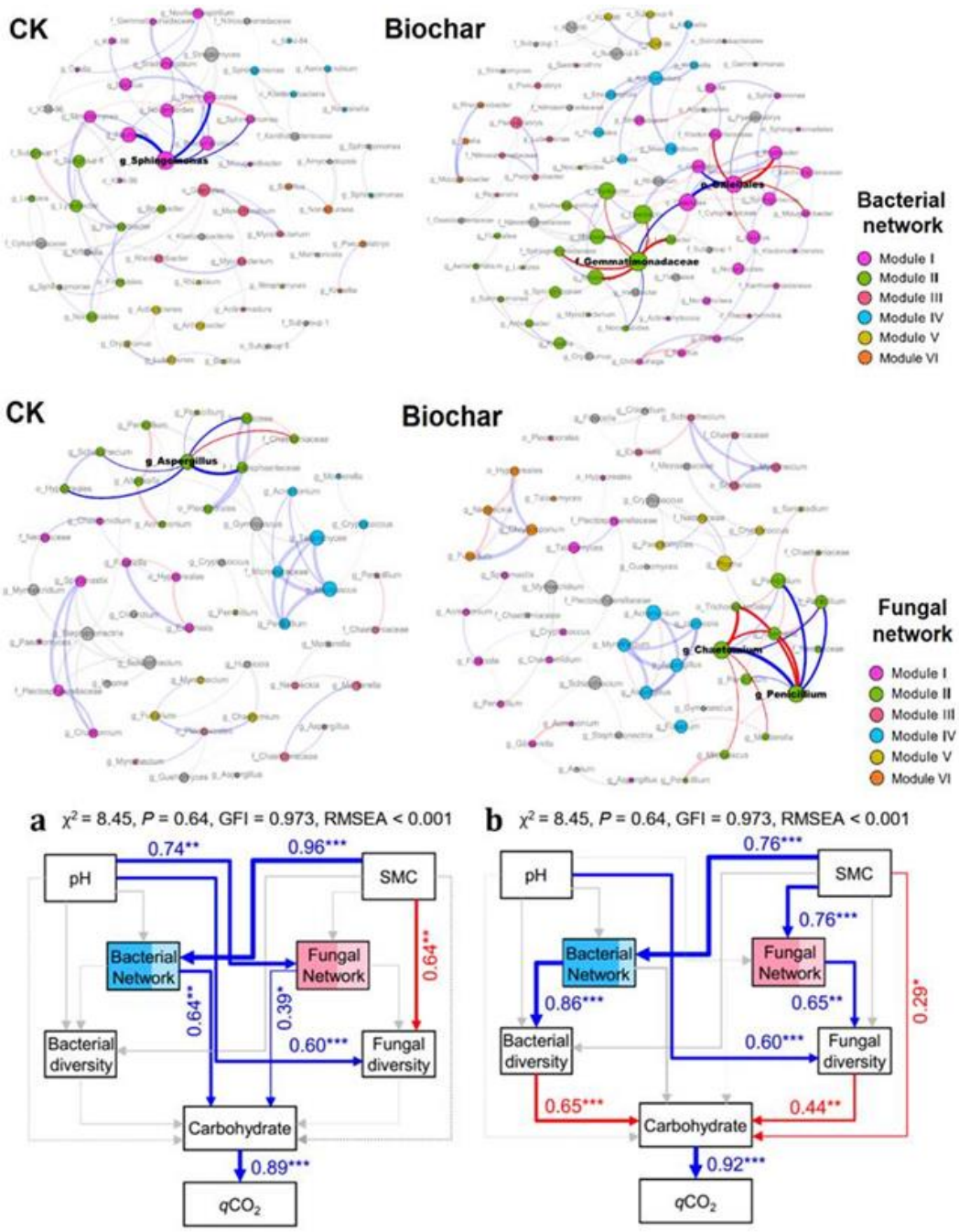
本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/5285.html

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！

南京土壤所揭示生物炭负激发效应的微生物关键物种竞争作用机制。土壤是全球碳循环的重要碳库，土壤有机碳封存可以缓解大气中CO2浓度的升高并提高土壤肥力。生物炭应用已被广泛证实是一种有效促进土壤有机碳封存和提高产量的方法(Woolf et al., Sustainable biochar to mitigate global climate change, Nat Commu, 2010)，但是目前关于生物炭对土壤有机碳激发效应的生物学机制尚不清楚。通常认为生物炭通过影响土壤微生物的生物量和群落组成影响了土壤有机碳的矿化，由于不同气候、土壤和作物系统中土壤微生物存在复杂的生物网络结构和不同的关键物种(Banerjee et al., Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning, Nat Rev Microb, 2018)，目前仍然不清楚施用生物炭如何影响土壤微生物之间的交互作用，这些交互作用是通过哪些核心/关键物种(keystone taxa)起作用?解决这些机制问题可以为建立不同气候土壤类型区的生物炭管理模式提供理论支撑。

中国科学院南京土壤研究所孙波课题组基于褐土生物炭田间试验(设置不施肥、常规NPK肥、2.4-7.2-12 t/ha生物炭处理)，结合Biolog、PLFAs和高通量测序方法，研究了细菌和真菌的群落组成及共发生网络对土壤有机碳矿化的影响，并通过稳定性同位素核酸探针技术(DNA-SIP)验证了微生物的网络交互作用关系。研究发现生物炭施用显著提高了土壤水分库容和pH值，影响了土壤细菌和真菌群落的组成和共生网络关系;生物炭施用导致细菌和真菌网络中关键类群的竞争性交互作用增强。通过结构方程模型分析表明，网络关键种与其他微生物间的竞争性交互作用提高了细菌和真菌多样性，降低了碳水化合物分解代谢活性和土壤呼吸熵。利用13C稳定同位素标记培养试验，证实了施用生物炭后细菌网络关键物种变为节杆菌属 (Arthrobacter) 和芽单胞菌科属(Gemmatimonadaceae)，真菌网络关键物种变为毛壳霉属(Chaetomium)和青霉属(Penicillium)，施用生物碳促进了这些关键物种与其他微生物之间的竞争作用，导致生物炭的负激发效应。研究为建立生物炭调控土壤有机碳封存能力的方法提供了生物学依据。

研究成果发表在Microbiome上。研究工作得到国家重点研发项目、国家自然科学基金和中科院战略性先导专项资助。



施用生物炭改变了土壤细菌和真菌的关键物种及其竞争关系

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