
我国东部四个气候带水稻土中微生物残留物对有机碳积累的贡献研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/6355.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！

我国东部四个气候带水稻土中微生物残留物对有机碳积累的贡献研究获进展。微生物可以通过合成代谢作用将不稳定的有机碳转化为自身细胞组成，通过细胞的生长和死亡过程最终以微生物残留物形式对稳定有机碳库有重要贡献，但真菌和细菌残留物在此过程中的贡献随气候带的改变不清楚。我国水稻土从北向南跨越中温带、暖温带、亚热带和热带四个气候区，不同气候区耕作强度和气候条件差别巨大，微生物残留物(真菌和细菌)对有机碳积累的贡献对不同气候区的响应特征对解释大尺度上水稻土固碳机制有重要科学意义。

基于此，中国科学院亚热带农业生态研究所研究员苏以荣团队随机采集了中温带、暖温带、亚热带和热带四个气候区的水稻土，研究了水稻土中真菌和细菌残留物对有机碳积累的贡献。结果表明，水稻土中微生物残留物以真菌残留物为主。真菌残留物对有机碳积累的贡献在四个气候区无显著差异，而总微生物残留物和细菌残留物对有机碳的贡献在较湿热地区(亚热带和热带)显著高于较干冷地区(中温带和暖温带)(图1)。进一步分析表明，真菌和细菌残留物对有机碳积累的差异取决于它们对气候条件(温度和降雨)的响应。对于真菌而言，从中国北方向南方因温度升高和降雨增加使土壤pH降低，低土壤pH促进真菌生长，而温度升高和降雨增加抑制真菌生长，两者相抵消使真菌残留物对有机碳的贡献对气候条件无响应。对于细菌而言，温度升高和降雨增加促进细菌生长，从而增加细菌残留物对有机碳积累的贡献(图2)。该研究结果表明尽管总微生物残留物主要来源于真菌残留物，但气候因子通过调节细菌残留物进而影响总微生物残留物对有机碳积累的贡献。此项研究强调了水稻土中真菌和细菌残留物对有机碳贡献在不同气候区的规律不一致，且细菌残留物积累由北向南的差异主导水稻土中微生物残留物对有机碳积累的贡献，其结果为解释我国水稻土固碳的微生物机制提供科学依据。

该项研究近期以Contrasting contribution of fungal and bacterial residues to organic carbon accumulation in paddy soils across eastern China 为题发表在土壤学国际期刊Biology and Fertility of Soils上。该研究得到国家自然科学基金(41671298, 41877035)、广西自然科学基金(2018GXNSFAA138020)和亚热带生态所开放基金项目(ISA2017302)的支持。

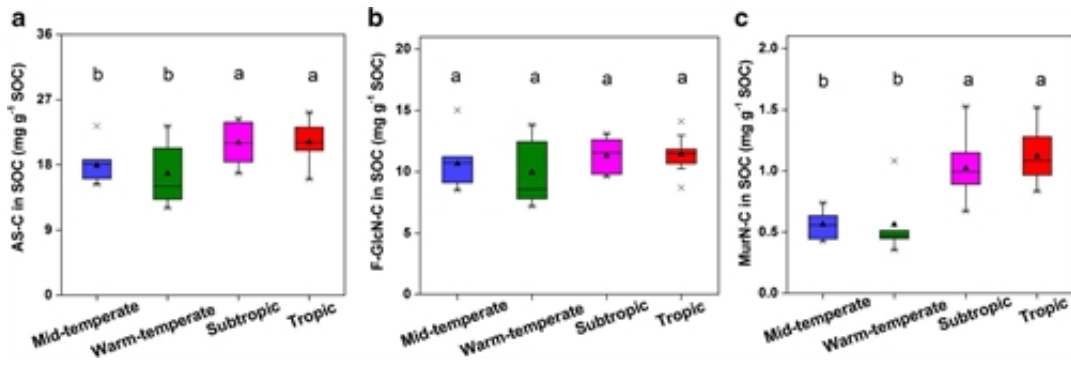


图1 四个气候带水稻土中总氨基糖(总残留物)、氨基葡萄糖(真菌残留物)和胞壁酸(细菌残留物)来源碳对有机碳积累的贡献

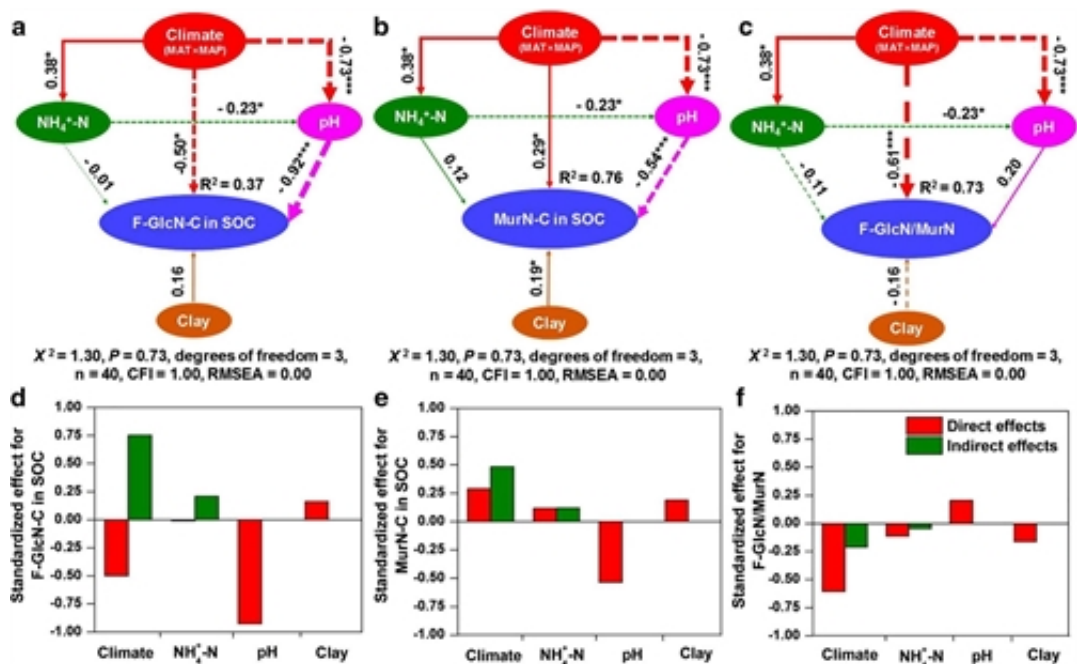


图2 基于结构方程模型的真菌和细菌残留物对有机碳的贡献与环境因子的关系

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](https://www.iikx.com)转发