东北地理所解析高CO2浓度条件下参与大豆光合碳转化和残体降解的细菌群落结构变化特征

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/7264.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
地理所解
析高CO2浓度条件
下参与大豆光合碳转化和残体降解的
细菌群落结构变化特征。大气二氧化碳（CO_2
）浓度升高可促进植物的光合作用过程，改变植物光合碳向土壤中释放的质和量，进而显著地影响陆地生态系统的碳储量。光合碳进入土壤后经土壤微生物途径向不同方向转化，因此，微生物对植物光合碳向陆地生态系统碳
分配具有重要作用。解析高CO_2
条件下参与光合碳转化的微生物群落特征是明确未来气候变化与土壤碳转化关系的核心所在。另一方面，CO_2
浓度升高会改变植物残体内物质组成（例如C/N、纤维素、木质素等含量），而参与降解植物残体的微生物活动受残体性质的影响很
大，但是关于大气CO_2
浓度升高条件下参与作物残体降解的微生物特征尚不明确。为此，中国科学院东北地理与农业生态研究所农
田分子生态学科组博士
王艳红、副研究员于镇华和研究员金剑等研究
采用^{13}
C稳定同位素示踪技术结合Illu
mina高通量测序技术解析了不同CO_2浓度条件下（正常CO_2浓度和高CO_2
浓度）参与大豆光合碳转化的根际细菌群落结构特征；通过研究作物成熟后的秸秆在土壤中的分解转化，明确了参与植物残体降解相关的细菌群落结构动态变化过程。

参与大豆光合碳转化的细菌研究结果表明
，与正常CO_2浓度条件相比，高CO_2浓度显著降低了（$p<$
0.05）参与^{13}C代谢的细菌群落丰富度和多样性。CO_2浓度升高降低了包括
Pseudarthrobacter
等在内的10个属的细菌相对丰度，这些微生物主要是快速生长型细菌并且对活性碳源敏感性高。同时，CO_2浓度升高刺激了包括*Novosphingobium*
等在内的5个属的细菌生长，这些细菌具有同化复杂或惰性碳组分的功能（图1）。上述结果表明
，CO_2

浓度升高引起的非活性碳源在根际沉积物中的增加，可提高参与代谢光合碳的细菌数量，可能在未来高CO_2浓度条件下成为调节土壤碳循环的重要机理之一。

参与植物残体转化的细菌研究结果表明，在整个培养期间，土壤整体的细菌群落结构在两个不同CO_2浓度残体添加的土壤处理中均无显著差异（图2），但是参与不同CO_2浓度大豆残体代谢的微生物群落结构在培养后的第28天出现了显著的差异（图3），包括*Actinomadura*在内的4个属是参与残体代谢的主要细菌，其中*Actinomadura*、*Nocardia*和*Shimazuella*在正常CO_2浓度残体添加的土壤处理中比高CO_2浓度残体添加的土壤处理中分别显著高出118 – 144%、71 – 113%和2 – 4倍。而*Nonomuraea*属的细菌相对丰度在高CO_2浓度残体添加的土壤处理中比正常CO_2浓度残体添加的土壤处理显著高出87 – 90%。上述结果表明，在高CO_2浓度条件下，细菌趋向于代谢难降解的碳源，这可能与高CO_2浓度条件下产生的残体化学组成变化相关。

研究结果将对评估大气CO_2浓度升高影响农田黑土有机碳沉积提供理论参考。此系列研究工作得到中科院百人计划、国家重点研发计划（2017YFD0300300）和国家自然科学基金（41771326、41271261）的资助。

论文链接：12

图1
进行$^{13}CO_2$标记的大豆根际土壤^{13}
C-DNA组分中属水平细菌的相对丰度。此图中仅展示对不同CO_2浓度处理有显著（$p<0.05$）响应的属。

图2
正常CO_2浓度（○）和CO_2
浓度升高（△）条件下大豆残体在培养7天、14天、28天后土壤整体细菌群落结构PCoA图。

图3
不同CO_2
浓度条件下参与大豆残体降解的细菌在培养7天、28天后群落结构PCoA图（基于Unweighted-Unifrac）。6和7代表^{13}C-DNA fractions的第6层和第7层。
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转发