



新闻动态

当前位置 > 首页 > 新闻动态 > 科研动态

综合新闻

头条新闻

科技前沿

科研动态

媒体关注

图片新闻

通知公告

图片展示

视频

成都生物所揭示中国草原土壤固氮微生物群落β-多样性驱动机制

发表日期: 2021-06-22

作者: 王群

文章来源:



打印 文本大小 大 中 小

固氮微生物可以将空气中的气态 N_2 转化为化合态氮,是陆地生态系统中重要的氮素来源。有研究表明,土壤中固氮微生物的群落结构可以显著影响固氮效率,因此,了解土壤中固氮微生物群落的构建机制,对揭示陆地生态系统中固氮微生物多样性的分布格局及其功能具有重要意义。

β-多样性用于评估样本间物种群落的结构差异,常常用于分析物种的生物地理分布模式。物种的β-多样性主要受区域物种库(regional species pool)和局域群落构建机制(local community assembly mechanisms)的影响。在植物群落研究中,有报道,森林群落β-多样性的地理格局是由区域物种库(γ-多样性)驱动的,而不是由生态构建过程(ecological assembly processes)驱动;也有研究发现,局域生态构建机制在群落构建中发挥着重要作用。影响物种多样性分布格局的生态过程和物种库的相对重要性在不同的空间尺度上会发生变化。然而,物种库、生态构建过程、生物相互作用对土壤微生物群落β-多样性格局形成的重要性、各个过程的相对贡献大小以及对不同功能微生物群落的影响机制尚没有系统地研究。

本研究在中国内蒙古、新疆和青藏高原采集了草原土壤样品,从区域物种库和局域群落构建机制的角度,探究了土壤固氮微生物群落β-多样性的分布模式与驱动机制。研究发现,中国草原土壤中固氮微生物多样性具有明显的空间分布差异,β-多样性分布模式是由区域物种库和局域群落构建机制共同驱动的,主要经过三层生态过滤(图1):一是土壤中固氮微生物群落构建主要受其区域物种库大小的限制,物种库是土壤固氮微生物群落形成的种子库;其次,经过环境过滤和扩散作用进一步筛选,形成当地的微生物群落;在局域群落构建机制中,环境过滤是影响固氮微生物群落形成的主要生态过程;第三,物种间的相互作用也是影响固氮微生物群落构建的重要驱动力。由于空间尺度会影响两种作用机制的相对重要性,多种空间尺度下影响土壤固氮菌多样性分布格局的主要驱动力还需进一步研究。

该项研究以Species pool and local ecological assembly processes shape the β-diversity of diazotrophs in grassland soils 为题发表在土壤学Top期刊 Soil Biology and Biochemistry 上。王彦苏(<http://lab.malab.cn/~wys/>)和李超男博士为论文共同第一作者,成都生物所李香真研究员(<http://lxzgroup.cib.cas.cn/>)为论文通讯作者。该研究得到国家自然科学基金和第二次青藏高原科学考察研究计划的资助。

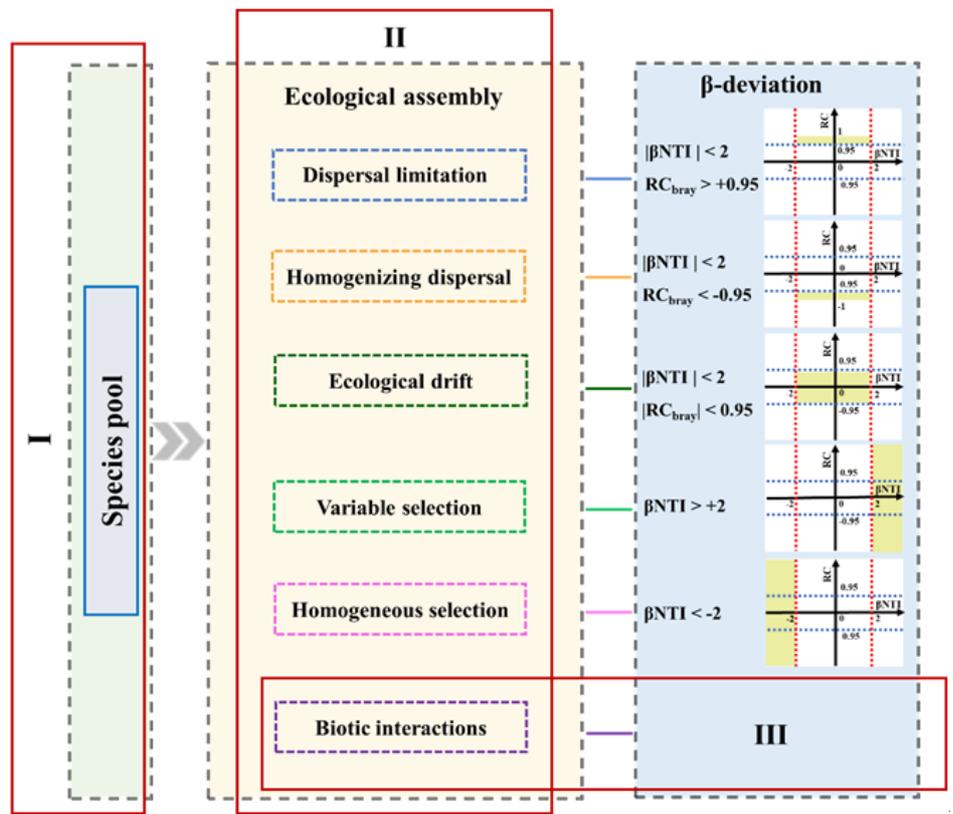


图1 草原土壤固氮微生物 β -多样性的驱动机制（物种库和局域群落构建过程）



电话: 028-82890289 传真: 028-82890288 Email: swsb@cib.ac.cn
 邮政编码: 610041 地址: 中国四川省成都市人民南路四段九号
 中国科学院成都生物研究所 版权所有
 蜀ICP备05005370号-1