



亚热带所发现长期施肥对稻田土壤固碳自养菌多样性影响

文章来源: 亚热带农业生态研究所

发布时间: 2011-12-12

【字号: 小 中 大】

生物固碳是陆地生态系统中最直接有效的二氧化碳固定途径,其中具有固碳功能的微生物分布广泛,它们有很强的环境适应能力。从整个生物圈的物质、能量流来看,二氧化碳的微生物固定是一支绝不容忽视的生物固碳力量。因此,研究微生物固定二氧化碳的生态环境效应具现实意义。

cbbL基因编码的核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶(RubisCO)是卡尔文循环中的关键酶,该酶催化卡尔文循环中的第一步CO₂固定反应。然而,目前关于固碳自养菌cbbL基因的分子生态学研究主要集中在旱作系统,对于稻田土壤,特别是长期不同施肥制度对稻田土壤固碳自养菌群落及多样性影响的研究未见报道。

中科院亚热带农业生态研究所研究员吴金水研究组以湖南宁乡、桃江、望城国家级稻田肥力变化长期定位试验为平台,采用PCR-克隆测序和实时荧光定量(Real-time)PCR技术,研究不施肥(CK),氮磷钾肥(NPK)和秸秆还田(NPKS)3种长期施肥制度对稻田土壤固碳自养菌群落结构及数量的影响。

通过分析固碳细菌cbbL基因文库发现,三个地点的cbbL含有的细菌群落以兼性自养菌为主,如沼泽红假单胞菌,*Bradyrhizobium japonicum*和氧产碱杆菌。长期施肥导致土壤固碳自养菌种群结构产生了明显差异,NPK和NPKS处理中兼性自养固碳菌群落优势增加,而严格自养固碳菌生长受到抑制。细菌cbbL基因拷贝数($3-8 \times 10^8$ copies g soil⁻¹)与稻田土壤固碳关键酶Rubisco活性($0.40-1.76$ nmol CO₂ g soil⁻¹min⁻¹)活性呈显著相关性,并且随着施肥量的增加而增大。ACC分析表明,土壤有机碳含量和pH是细菌cbbL群落组成、丰度、多样性等最重要的影响因素。

上述结果表明长期施肥对土壤固碳细菌群落结构、多样性及数量均有显著的影响。本研究结果可为深入探讨稻田土壤微生物固碳潜力及其影响机理提供有力的依据。

该研究结果于12月11日在*Applied Microbiology and Biotechnology*杂志在线发表(DOI: 10.1007/s00253-011-3760-y)。该研究组的博士研究生袁红朝是该论文的第一作者。该研究得到了中国科学院、国家外国专家局创新团队国际合作伙伴计划、国家自然科学基金委和中科院知识创新工程青年人才领域前沿项目的资助。

打印本页

关闭本页