



第19届中美碳联盟 (USCCC) 年会

具有 N_2O 减排效应的植物根际促 生菌：进展与挑战

申卫收

南京信息工程大学

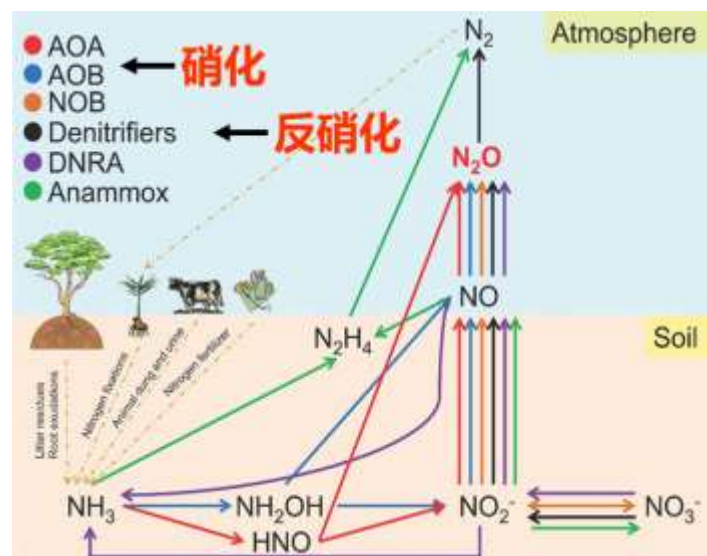
E-mail: wssh@nuist.edu.cn

1960

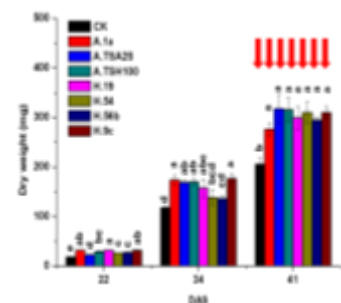
NUIST



- ❖ **氧化亚氮**：一种温室气体，其温室效应潜力大约为等量**二氧化碳的273倍**
- ❖ **排放量**：农业源氧化亚氮约占全球人为排放总量的**52%**



Hu et al., 2015

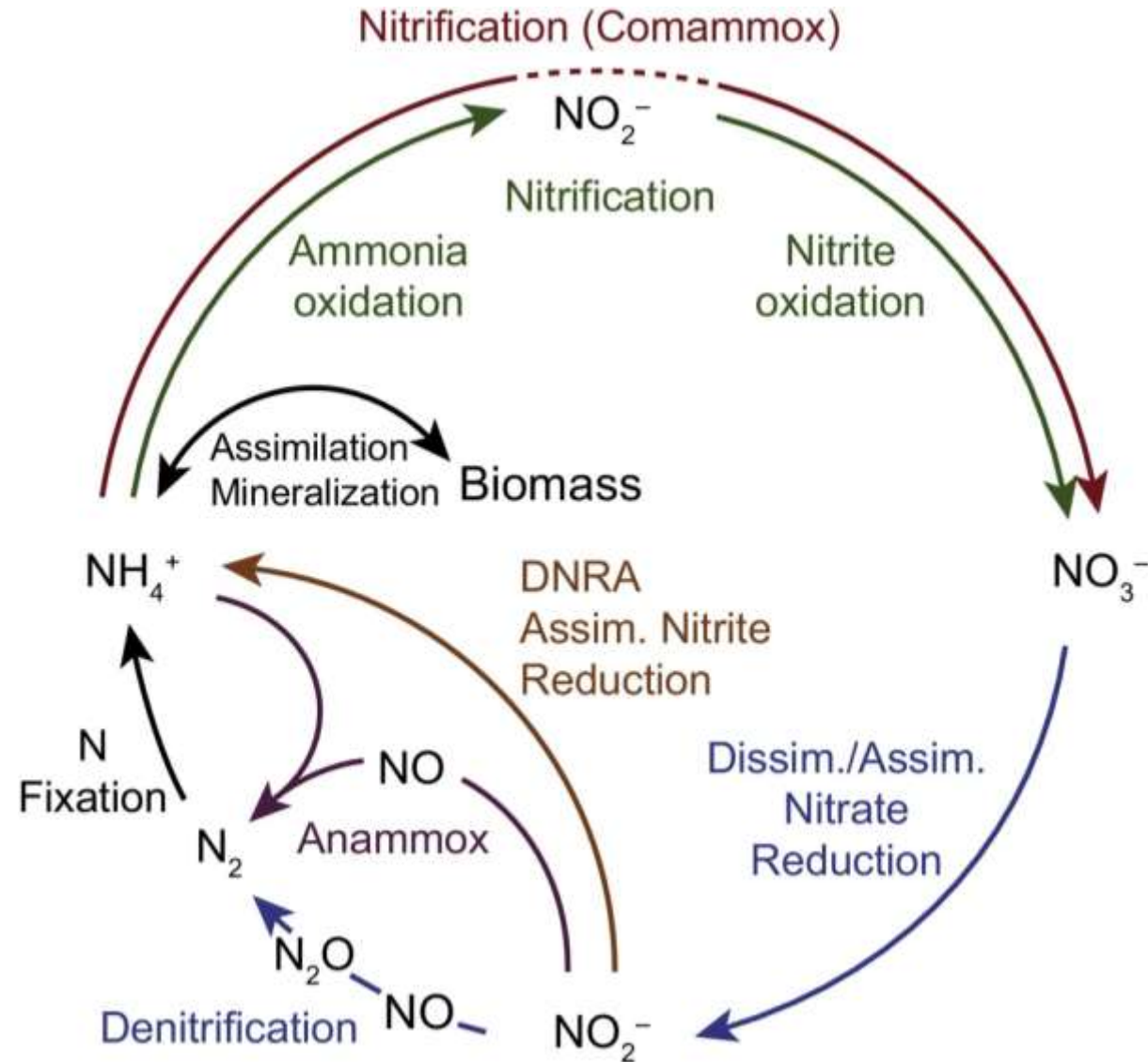
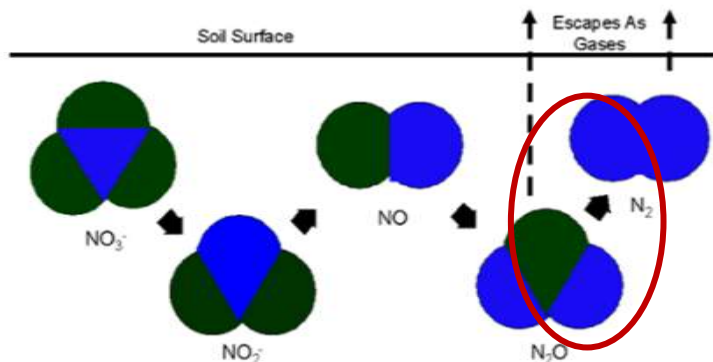


Gao et al., 2016

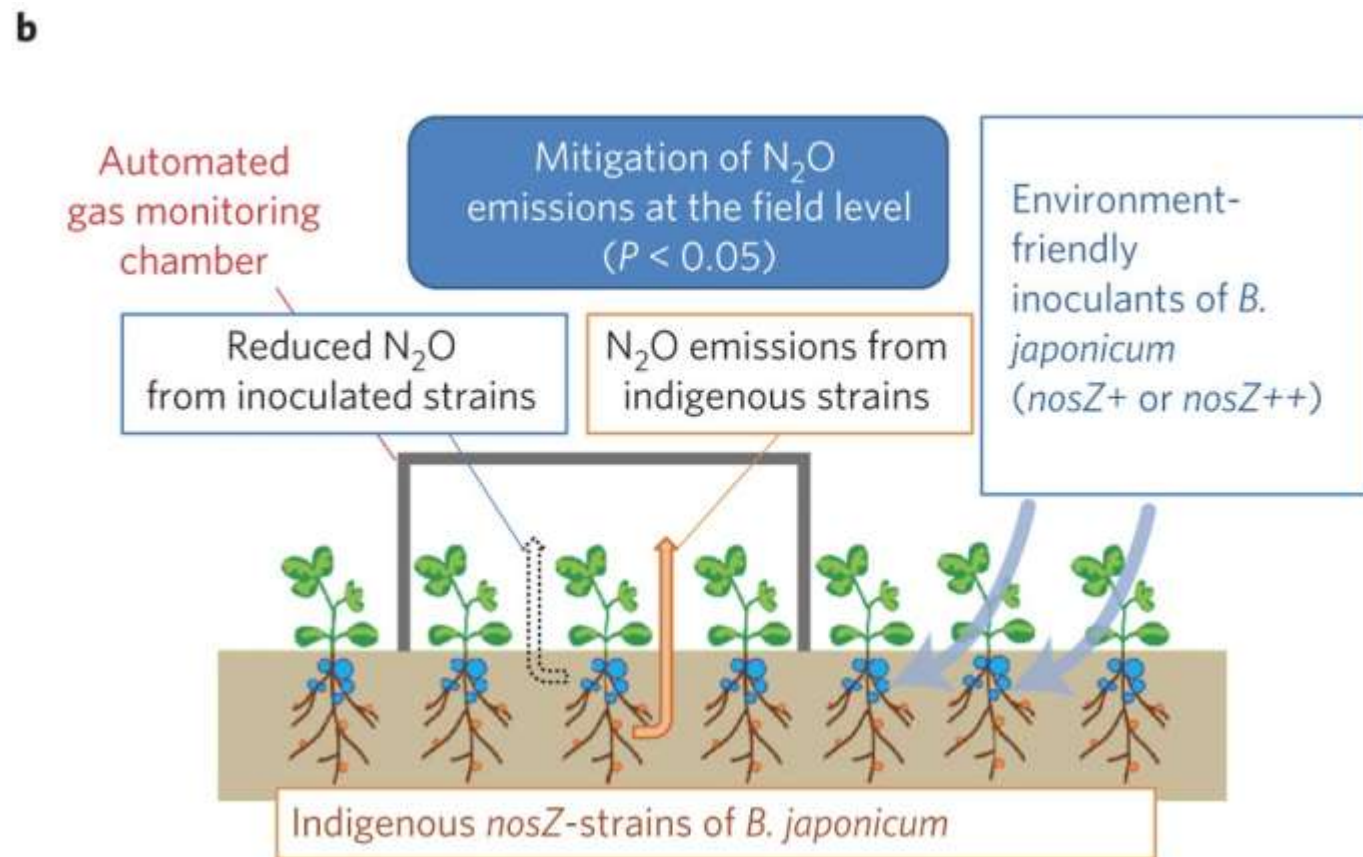
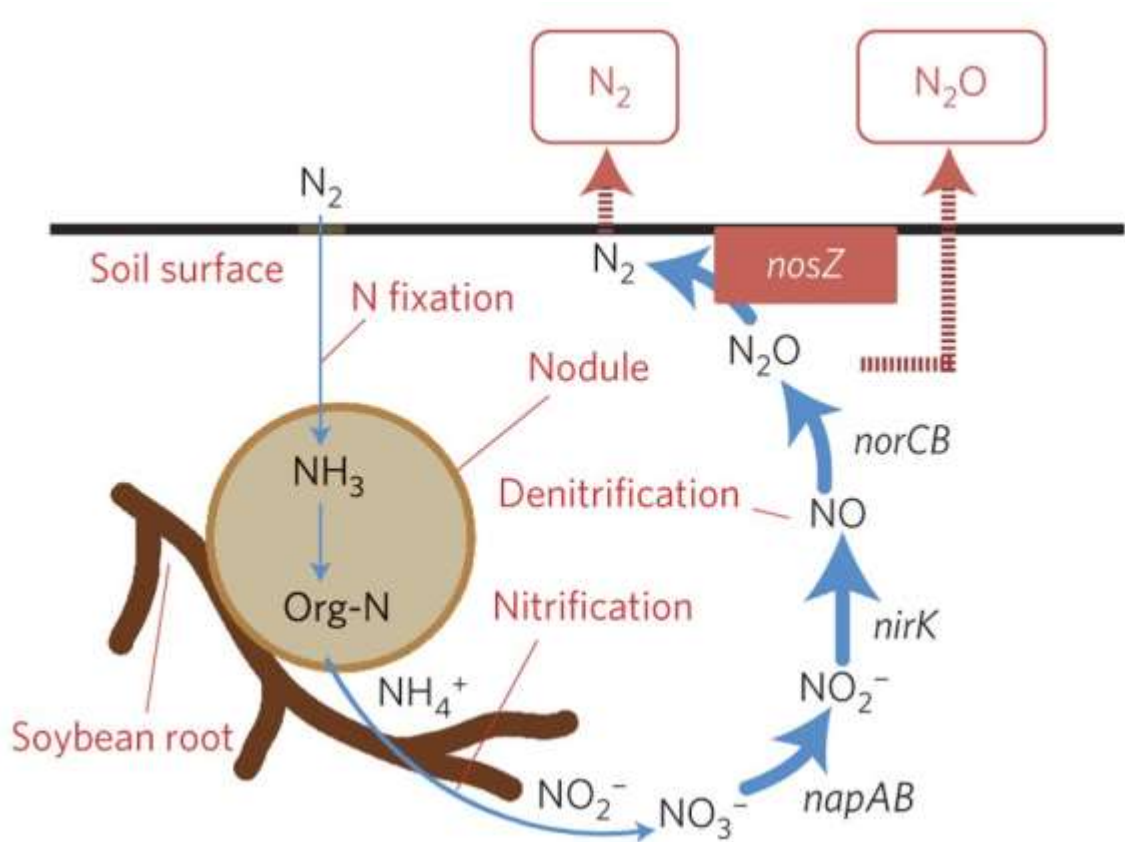
- ❖ **减排措施**：生物炭、氮肥减施等
- ❖ **瓶颈**：同时实现作物增产稳产与减排
- ❖ **生物过程**：主要为微生物硝化和反硝化
- ❖ **突破口**：开发基于植物根际促生菌的氧化亚氮减排技术

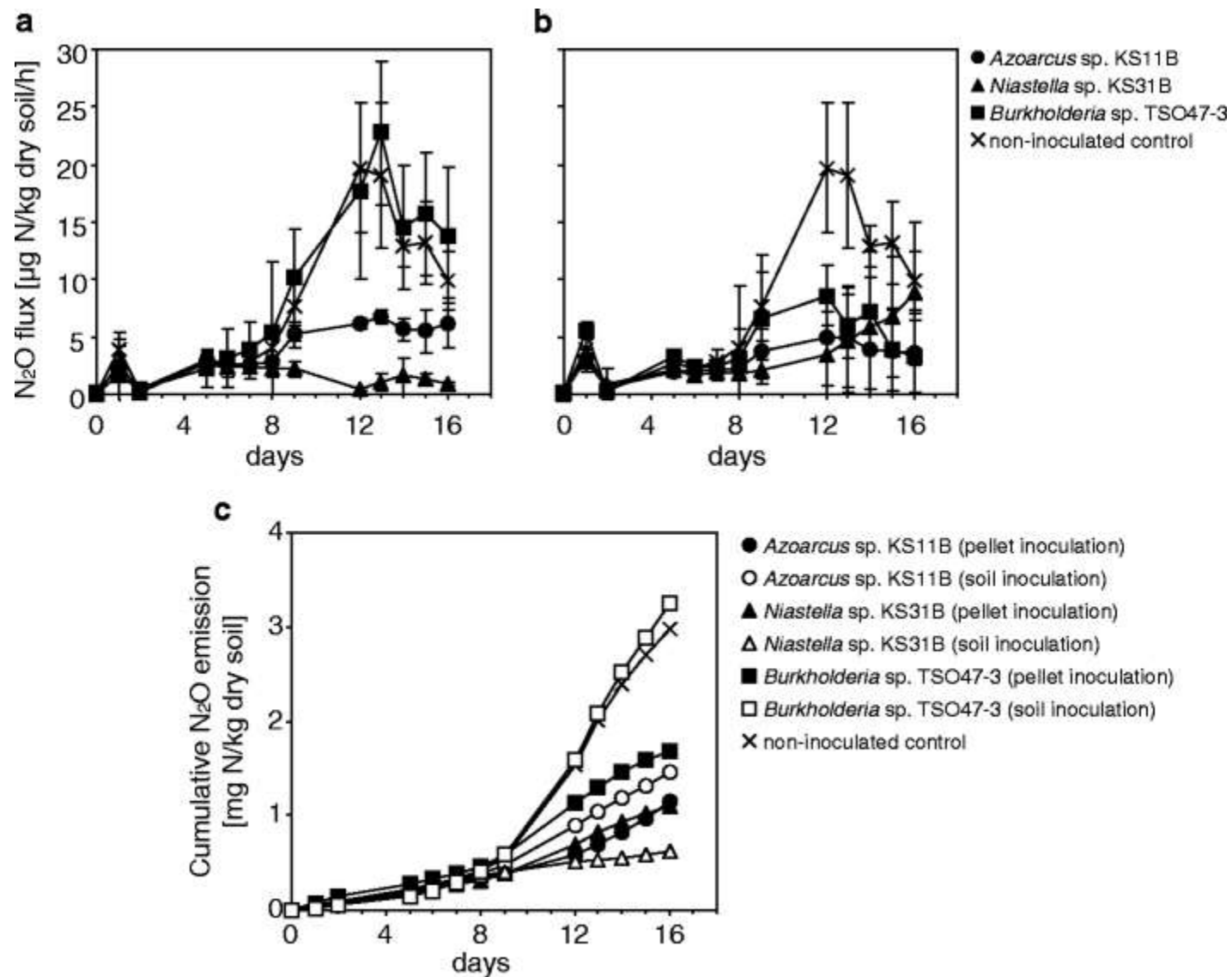


- 产生N₂O的主要微生物过程包括**氨氧化**和**硝化细菌反硝化**、**亚硝酸氧化**、**异养反硝化**、**厌氧氨氧化**和**硝酸盐异化还原成铵**等
- ***nosZ*基因编码的N₂O还原酶**是目前已知唯一的N₂O汇

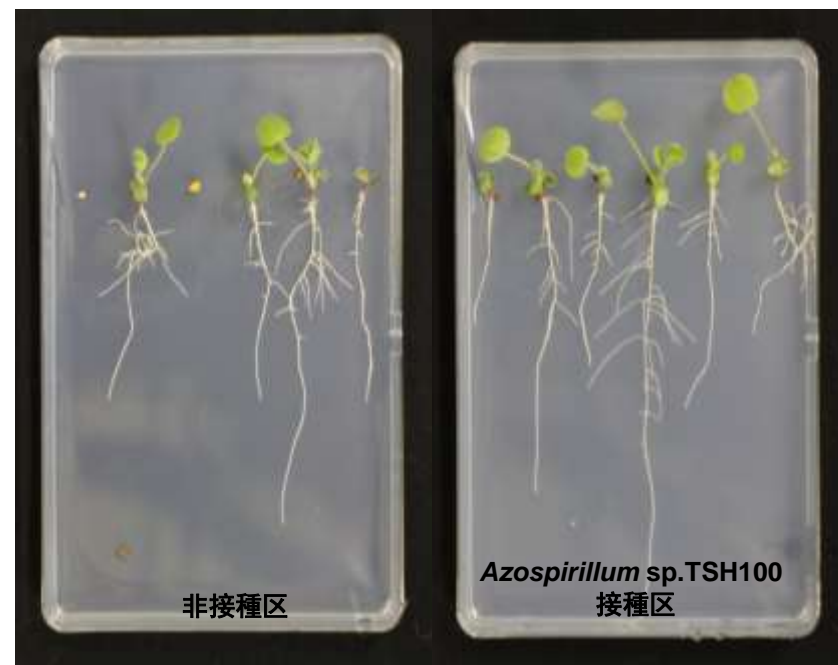
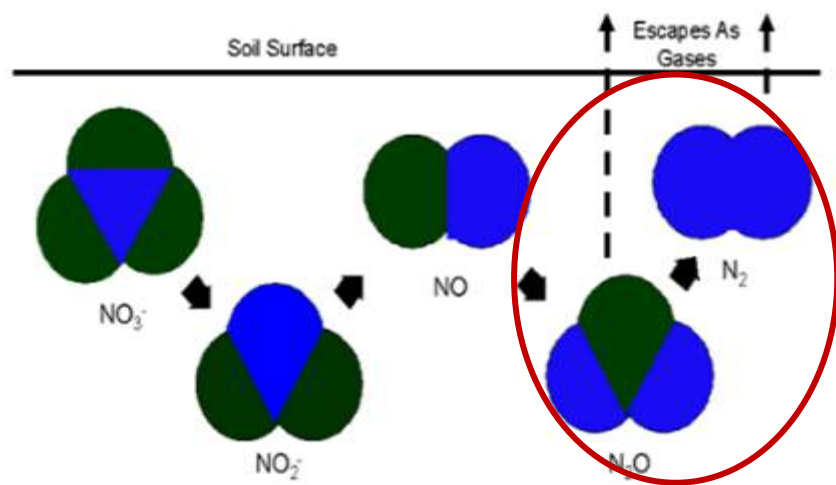


接种具有高表达*nosZ*基因的*Bradyrhizobium japonicum*减少了田间大豆收获后的N₂O排放量（首次~~在田间条件下实现接种微生物减排N₂O排放~~）





- ❖ N₂O还原菌广泛存在于植物根际
- ❖ 具有植物促生功能的N₂O减排微生物才有实际应用前景



双重功能菌株评价试验设计

种子

- 表面消毒
- 播种

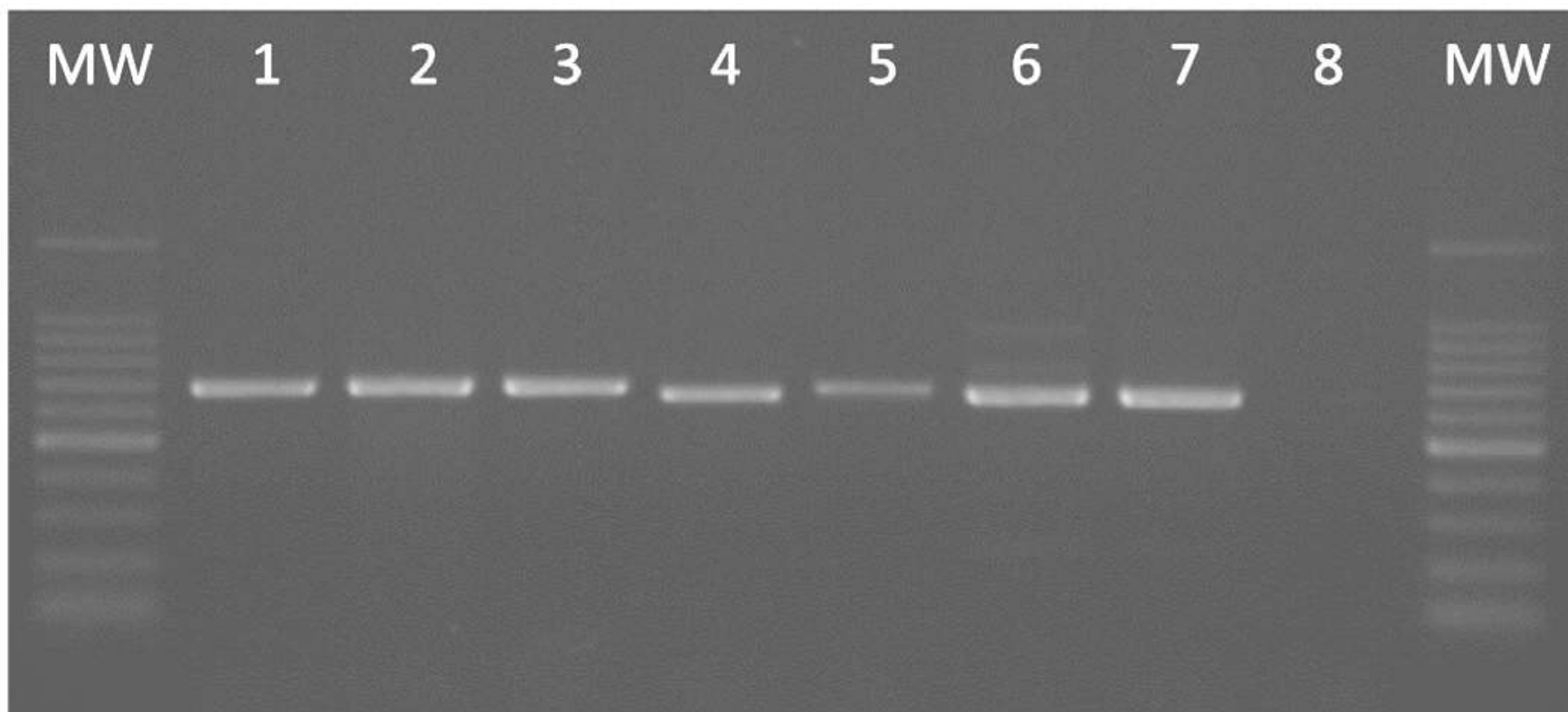
供试
菌株

- *A. sp.* 1a, *A. sp.* TSA2s, *A. sp.* TSH100, *H. sp.* 19, *H. sp.* 54, *H. sp.* 56b and *H. sp.* 9c culture
- 接种菌液至土壤表面

温室
盆栽

- 收集氧化亚氮
- 测量植物株高、叶面积、干质量等
- 测定C、N、P、K、Ca和Mg等养分元素含量

供试N₂O还原细菌编码*nosZ*基因, ¹⁵N标记试验显示反硝化终产物几乎全部为N₂



MW = 100 bp DNA Ladder (TaKaRa, Otsu, Shiga, Japan), 1 = *A. sp.* 1a, 2 = *A. sp.* TSA2s, 3 = *A. sp.* TSH100, 4 = *H. sp.* 19, 5 = *H. sp.* 54, 6 = *H. sp.* 56b, 7 = *H. sp.* 9c, 8 = negative control (water and PCR reagents, but no DNA).

供试N₂O还原细菌能够产生生长素

菌株	生长素产量 (ug/ml)	在琼脂平板上对作物长势的影响		供分离菌株的 土壤来源
		红花苜蓿	梯牧草	
A. sp. 1a	>20.00	+++*	++	新泻
A. sp. TSA2S	6.91	+++*	+	东京
A. sp. TSH100	7.59	+++*	++	东京
H. sp. 19	8.36	++	+	熊本
H. sp. 54	>20.00	+++	+	熊本
H. sp. 56b	>20.00	+++	-	熊本
H. sp. 9c	>20.00	++	-	熊本

* 可以在作物根际定殖

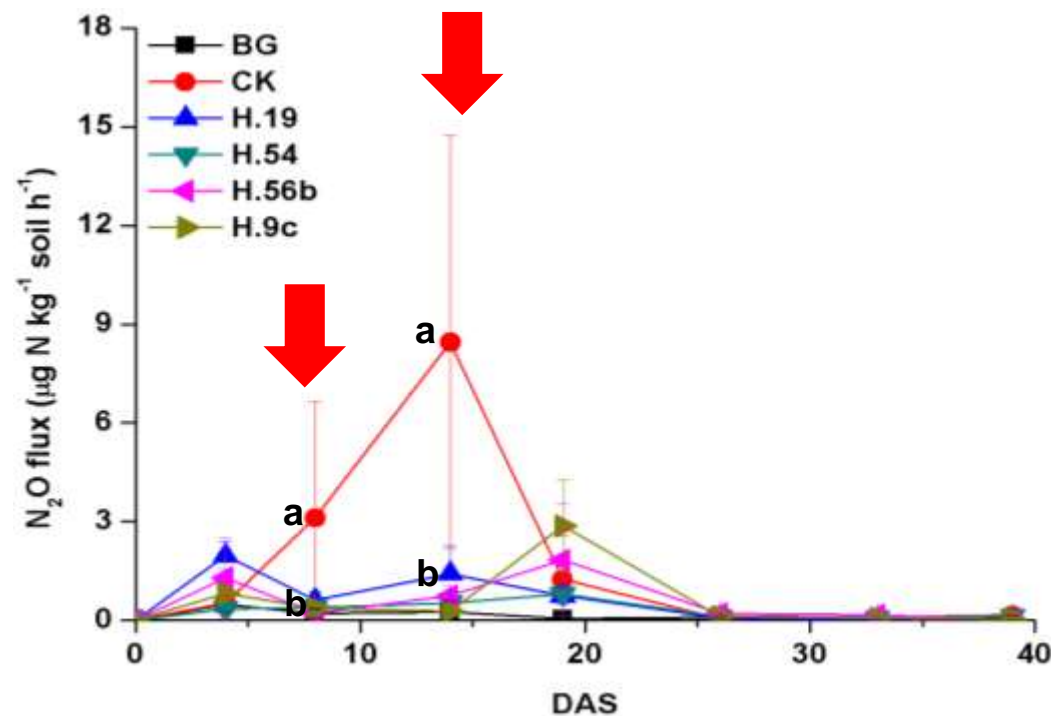
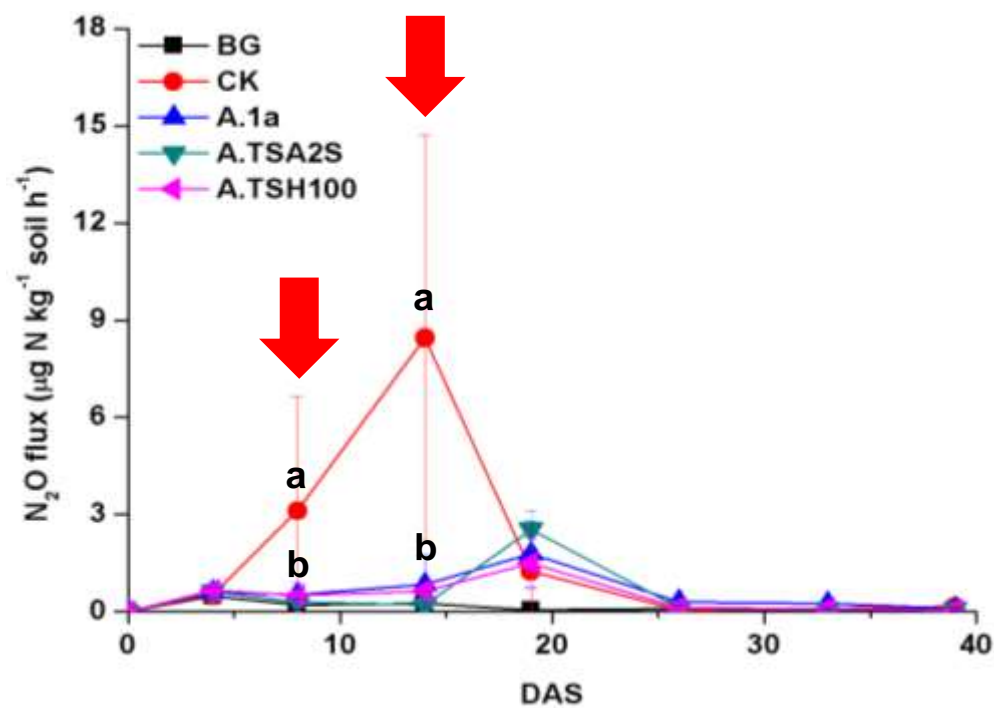
供试菌株明显降低种植红花苜蓿土壤N₂O排放通量

❖ *Azospirillum* spp.

❖ 固氮螺菌属

❖ *Herbaspirillum* spp.

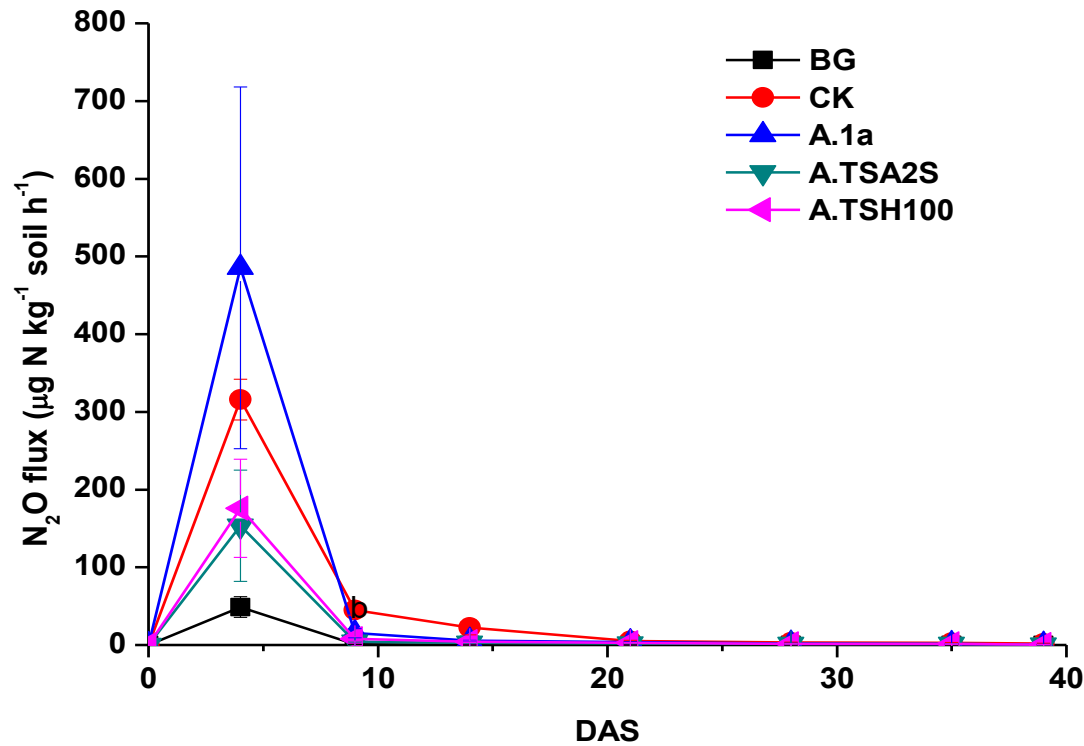
❖ 草螺菌属



接种供试菌株使梯牧草土壤N₂O放通量呈降低趋势

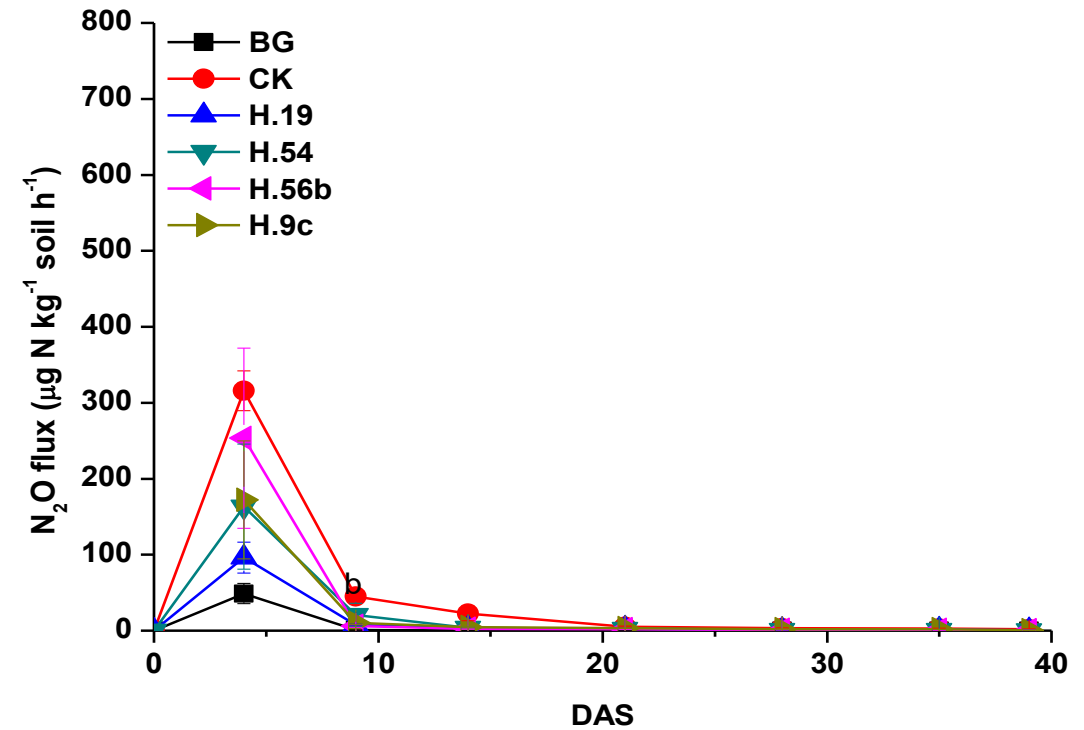
❖ *Azospirillum* spp.

❖ 固氮螺菌



❖ *Herbaspirillum* spp.

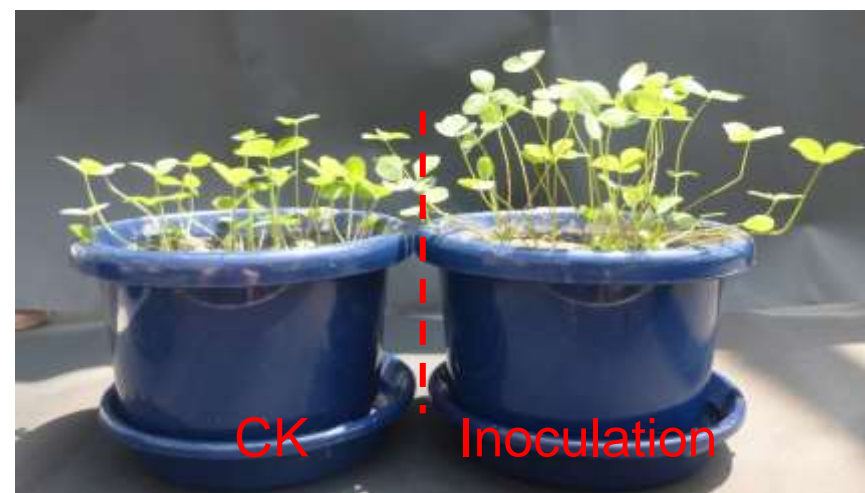
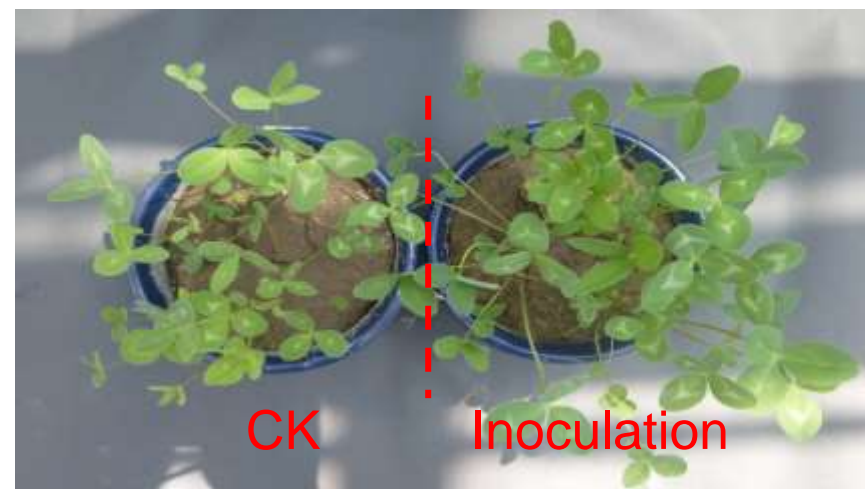
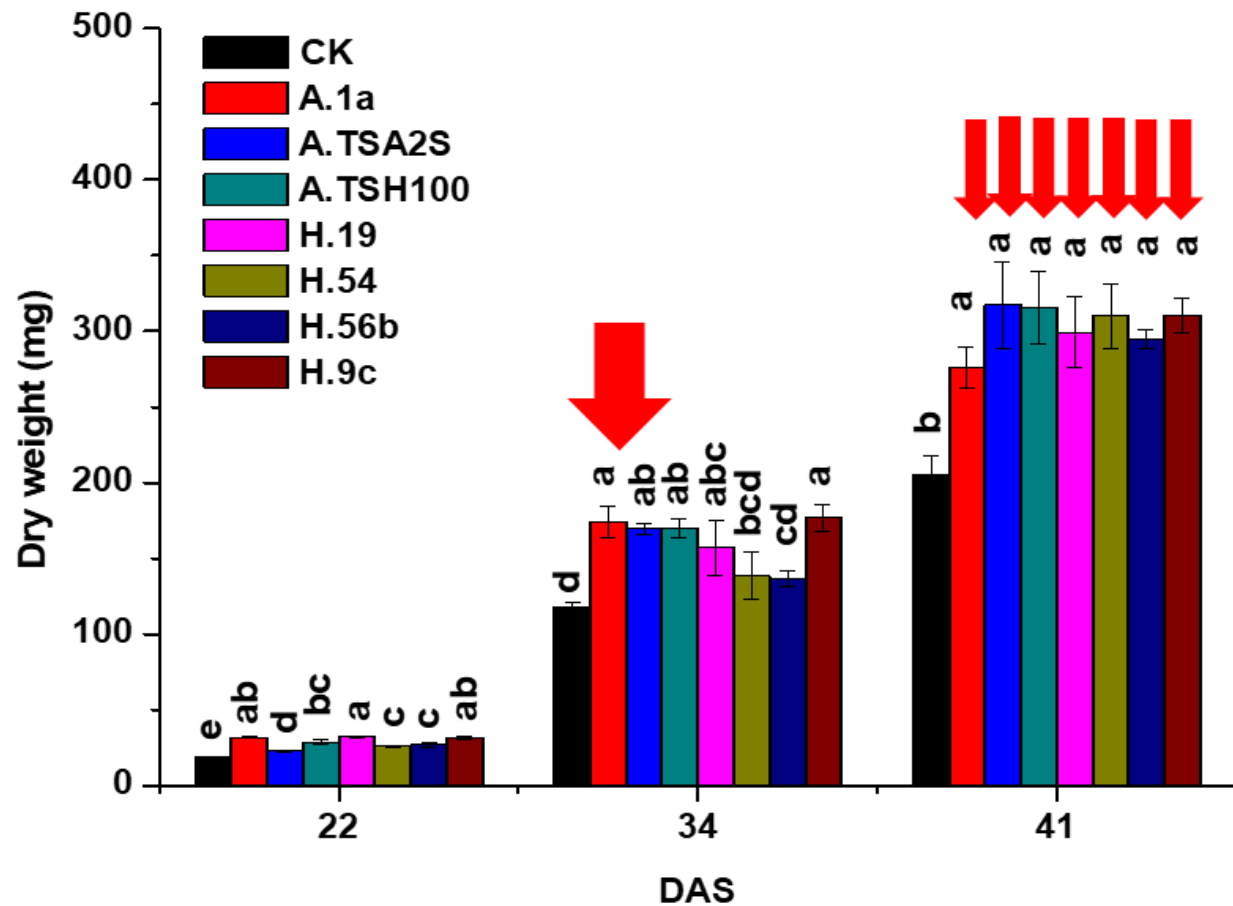
❖ 草螺菌



接种N₂O还原细菌使土壤N₂O累积排放量呈降低趋势

处理	红花苜蓿	梯牧草
A. sp. 1a	0.55 ± 0.16 b	50.31 ± 23.09 a
A. sp. TSA2s	0.47 ± 0.06 b	16.43 ± 6.95 <u>bc</u>
A. sp. TSH100	0.42 ± 0.05 b	19.23 ± 6.18 <u>abc</u>
H. sp. 19	0.56 ± 0.06 b	11.43 ± 2.15 <u>abc</u>
H. sp. 54	0.30 ± 0.02 b	19.34 ± 9.78 <u>abc</u>
H. sp. 56b	0.53 ± 0.11 b	25.99 ± 11.77 <u>abc</u>
H. sp. 9c	0.54 ± 0.06 b	19.46 ± 7.55 <u>bc</u>
Background	0.14 ± 0.06 b	4.81 ± 1.30 c
Control	1.76 ± 0.80 a	40.27 ± 3.67 ab

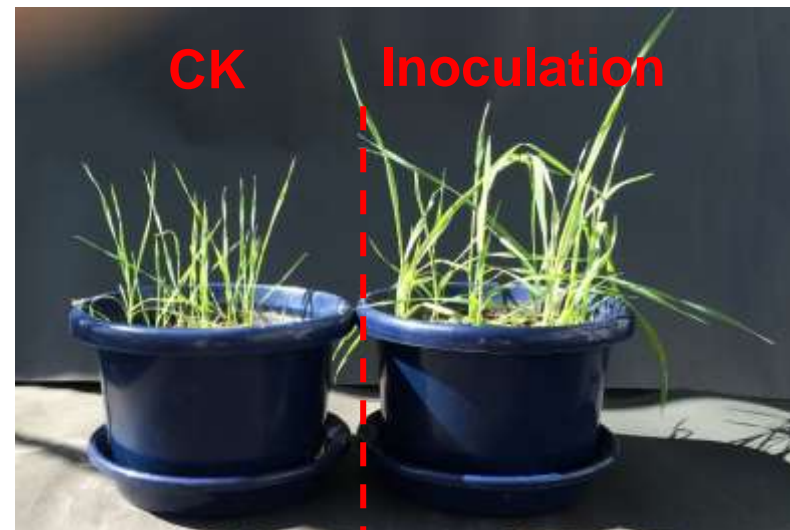
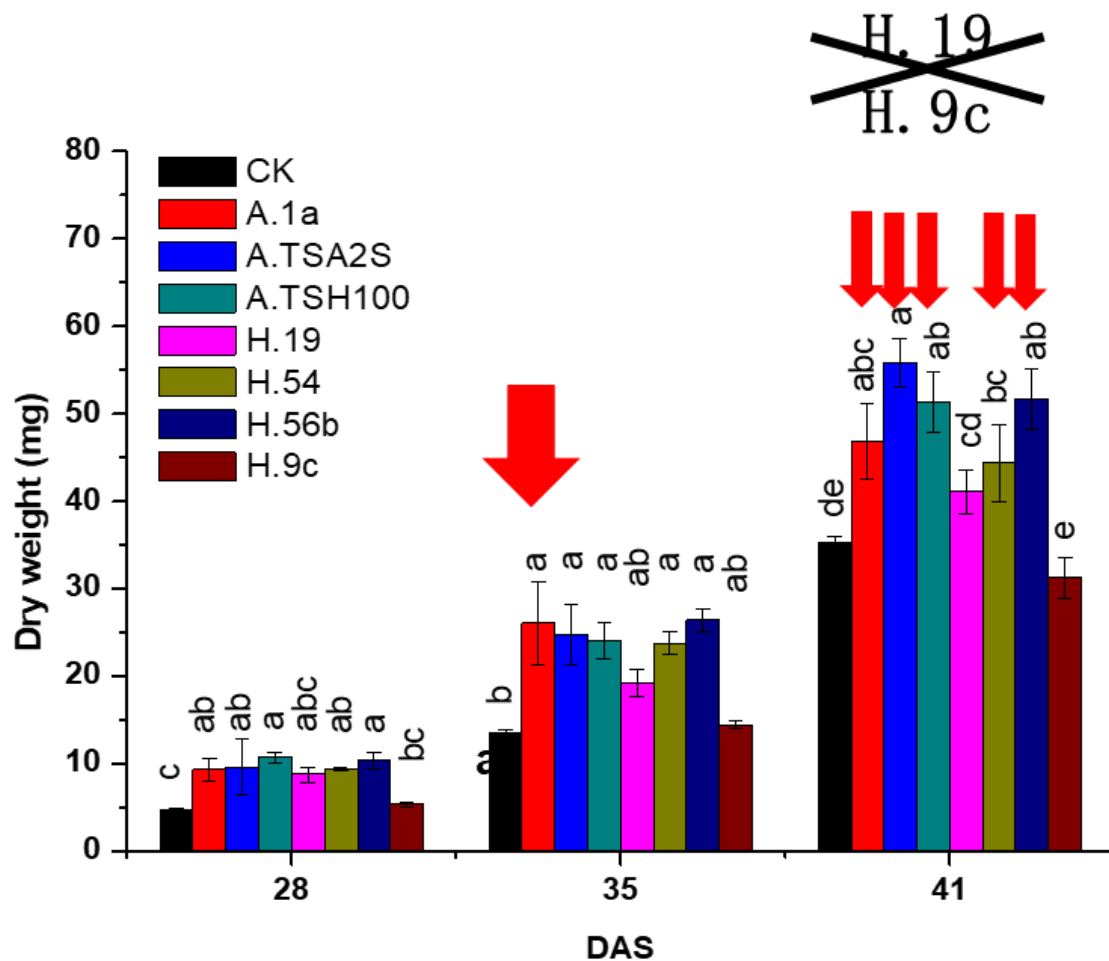
接种细菌促进了红花苜蓿的生长



接种细菌后，红花苜蓿吸收利用C、N水平明显提高

处理	C (mg plant ⁻¹)	N (mg plant ⁻¹)	P ($\mu\text{g plant}^{-1}$)	K ($\mu\text{g plant}^{-1}$)	Ca ($\mu\text{g plant}^{-1}$)	Mg ($\mu\text{g plant}^{-1}$)
<u>CK</u>	89.1 c	9.47 c	85.3 c	544.3 c	562.3 d	177.9 c
A. sp. 1a	122.6 b	12.77 b	145.7 ab	816.7 ab	956.6 <u>abc</u>	284.6 ab
A. sp. TSA2S	139.7 ab	13.49 ab	122.4 abc	779.3 abc	810.4 bcd	238.5 abc
A. sp. TSH100	151.9 ab	14.12 ab	163.4 a	1007.1 a	1016.6 ab	315.2 a
H. sp. 19	149.2 ab	14.70 ab	136.2 ab	751.4 abc	866.3 abcd	257.5 abc
H. sp. 54	153.3 ab	15.77 a	117.9 bc	659.9 <u>bc</u>	672.2 cd	209.3 bc
H. sp. 56b	145.5 ab	15.72 a	124.7 abc	745.6 abc	785.2 <u>bcd</u>	248.9 <u>abc</u>
H. sp. 9c	156.8 a	15.09 ab	166.5 a	946.5 a	1138.3 a	327.2 a

接种大部分细菌促进了梯牧草的生长



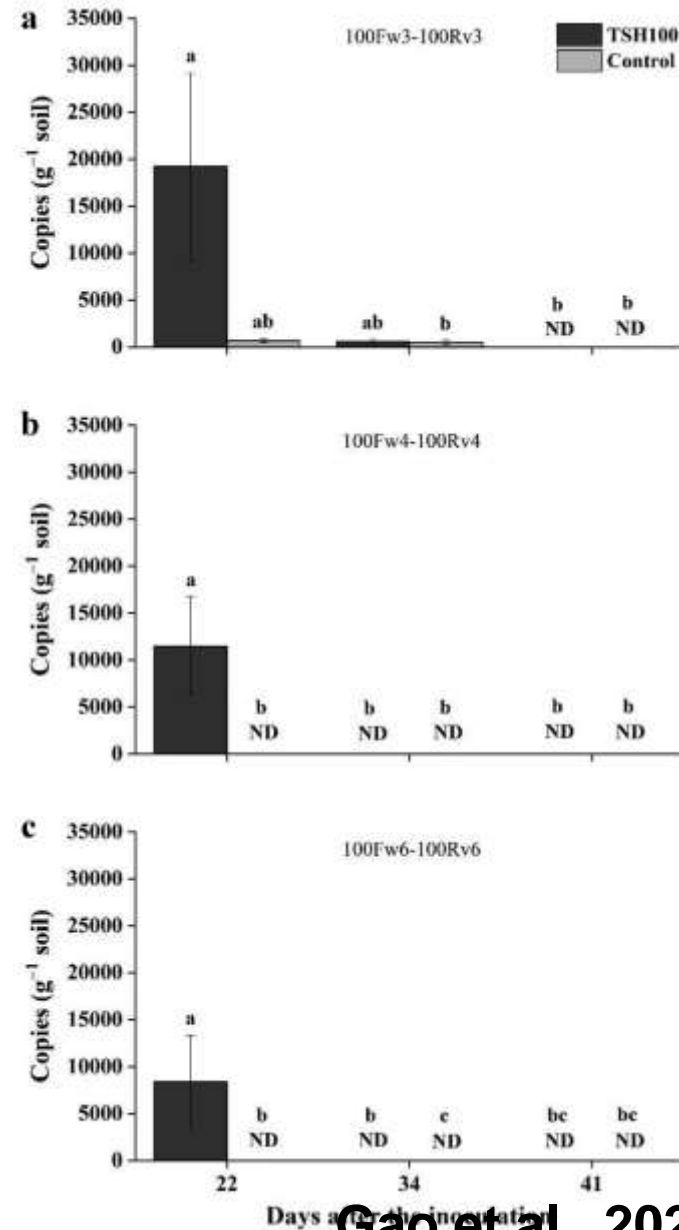
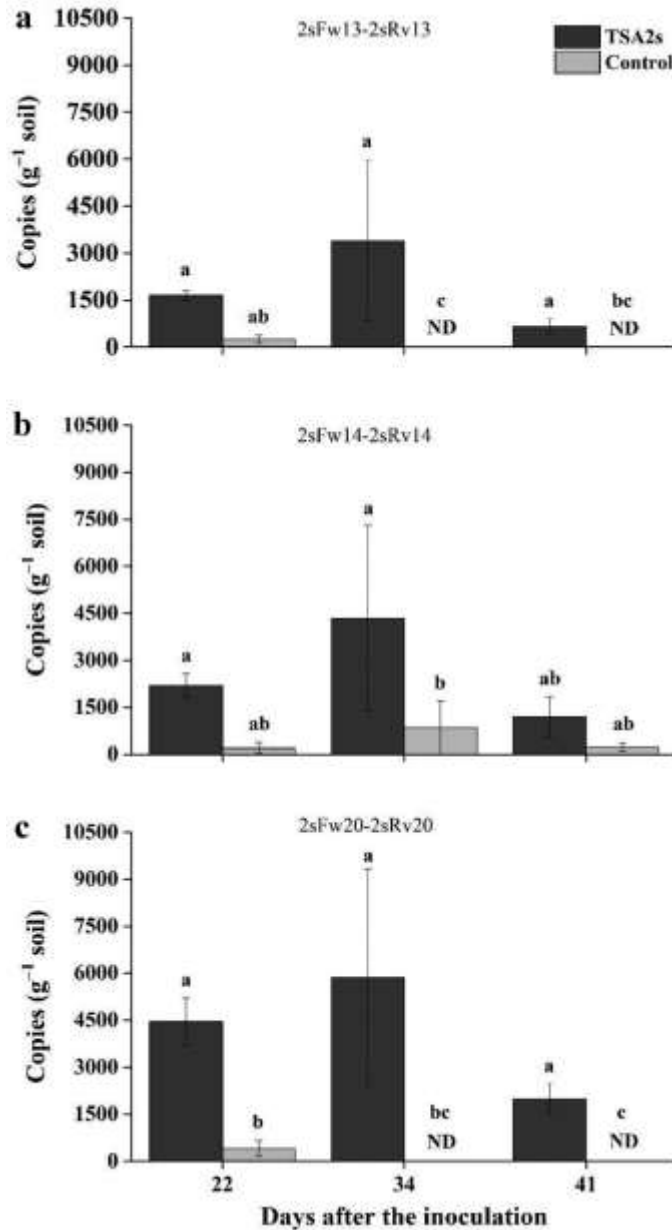
接种后，梯牧草吸收利用C、N水平明显提高

Strain	C (mg plant ⁻¹)	N (mg plant ⁻¹)	P (μ g plant ⁻¹)	K (μ g plant ⁻¹)	Ca (μ g plant ⁻¹)	Mg (μ g plant ⁻¹)
CK	12.7 c	2.1 d	138 <u>bc</u>	811 b	209 c	118 c
A. sp. 1a	21.6 ab	2.7 cd	144 b	950 ab	248 <u>abc</u>	146 <u>abc</u>
A. sp. TSA2S	25.2 a	3.5 <u>bc</u>	206 a	1118 a	298 ab	164 ab
A. sp. TSH100	23.3 ab	3.4 <u>bc</u>	152 b	984 ab	272 <u>abc</u>	147 <u>abc</u>
H. sp. 19	18.8 b	3.5 <u>bc</u>	133 <u>bc</u>	852 b	257 <u>abc</u>	139 <u>bc</u>
H. sp. 54	20.1 ab	4.3 b	154 b	944 ab	304 a	164 ab
H. sp. 56b	23.6 ab	6.1 a	142 <u>bc</u>	1090 a	309 a	177 a
H. sp. 9c	69.8 c	2.3 d	102 c	626 c	222 <u>bc</u>	113 c

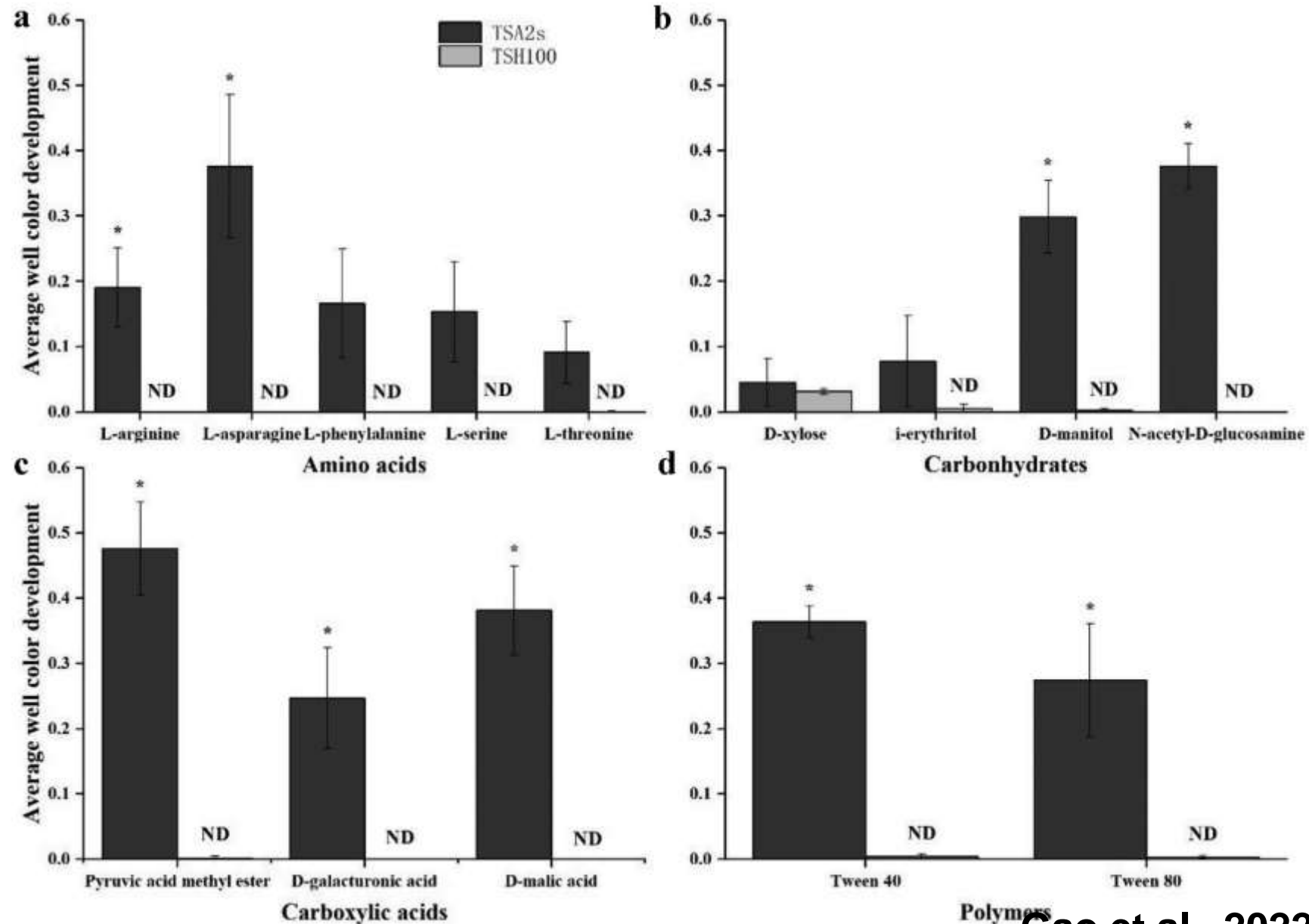
处理	红花苜蓿相对干重 (%)	梯牧草相对干重 (%)	相对N ₂ O累积排放量 (%)
A. sp. TSA2S	148.7-154.2	158.3-174.8	26.6-59.9
A. sp. TSH100	153.3-158.9	145.6-169.0	24.0 -70.1
H. sp. 54	150.6-160.4	125.9-173.0	17.0 -70.5



具有N₂O减排功能的PGPR在根际的定殖能力各不相同



PGPR在根际的定殖能力与其碳源利用密切相关

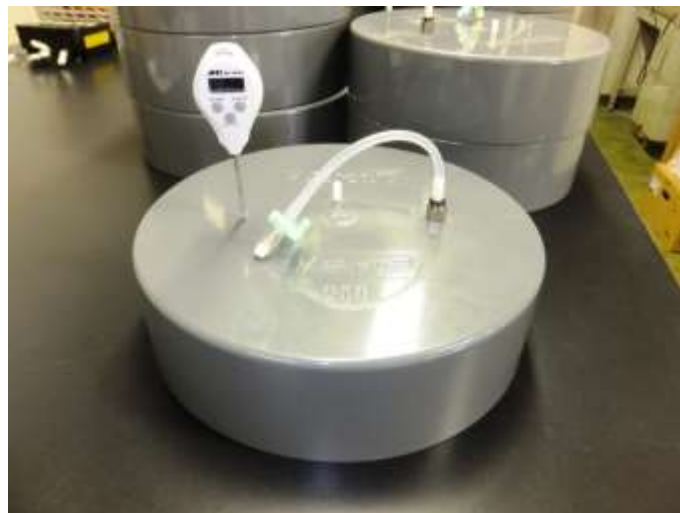


Genus	Strain	Soil source	Accession # for the 16S rRNA gene sequences	<i>nirS</i>	<i>nirK</i>	<i>nosZ</i>	³⁰ N ₂ /(³⁰ N ₂ + ⁴⁶ N ₂ O)	
<i>Azoarcus</i>	KH32B	Kumamoto paddy/upland ^a	AB551569	ND ^b	Y ^c	Y	100%	
	KH32C	Kumamoto paddy/upland	AB551570	Y	ND	Y	100%	
	KS11B	Kumamoto paddy	AB551581	ND	Y	Y	100%	
	KS30A-1	Kumamoto paddy	AB551582	ND	Y	Y	100%	
<i>Azospirillum</i>	TSA2s	Tokyo paddy	AB542370	ND	Y	Y	98%	
	TSH100	Tokyo paddy	AB508901	ND	Y	Y	99%	
	TSO35-2	Tokyo paddy	AB545654	ND	ND	Y	100%	
	TSO41-3	Tokyo paddy	AB545635	ND	ND	Y	100%	
	TSO5	Tokyo paddy	AB545618	ND	Y	Y	100%	
	TSO7	Tokyo paddy	AB545619	ND	Y	Y	100%	
	TSO9	Tokyo paddy	AB545621	ND	Y	Y	0%	
	UNPF1	Niigata paddy	AB696837	Y	Y	Y	96%	
	<i>Bacillus</i>	UNPF11b	Niigata paddy	AB696844	ND	ND	ND	0%
UNPF20		Niigata paddy	AB696845	Y	ND	ND	0%	
<i>Bradyrhizobium</i>	KH20C	Kumamoto paddy/upland	AB551573	ND	ND	Y	99%	
	UNPA324	Niigata paddy	AB696856	Y	Y	Y	100%	
<i>Dyella</i>	UNPF42	Niigata paddy	AB696853	ND	Y	Y	99%	
	YNH11B	Yamagata paddy/upland	AB551616	ND	Y	Y	100%	
<i>Herbaspirillum</i>	YNS9C	Yamagata paddy/upland	AB551620	ND	Y	Y	100%	
	TSA31	Tokyo paddy	AB542393	Y	ND	Y	100%	
	TSA48	Tokyo paddy	AB542402	Y	ND	Y	100%	
	TSO23-2	Tokyo paddy	AB545625	Y	ND	Y	100%	
	TSO29-2	Tokyo paddy	AB545630	Y	ND	Y	100%	
	TSO45-3	Tokyo paddy	AB545636	Y	ND	Y	75%	
	TSO49-2	Tokyo paddy	AB545656	Y	ND	Y	99%	
	TSO61-2	Tokyo paddy	AB545660	Y	Y	ND	100%	
	UKPF19	Kumamoto paddy	AB769219	Y	ND	Y	100%	
	UKPF54	Kumamoto paddy	AB769220	ND	ND	Y	100%	
	UKPF56b	Kumamoto paddy	AB769221	Y	Y	Y	100%	
<i>Niastella</i>	UKPF9c	Kumamoto paddy	AB769217	Y	Y	Y	100%	
	KS31B	Kumamoto paddy	AB551589	Y	ND	ND	100%	
<i>Pseudogulbenkiania</i>	KS30B	Kumamoto paddy	AB551584	Y	ND	Y	100%	
	KS3B	Kumamoto paddy	AB551585	Y	ND	Y	100%	
	KS43A	Kumamoto paddy	AB551584	Y	ND	Y	100%	
	KS46A	Kumamoto paddy	AB551585	Y	ND	Y	100%	
	NH8B	Niigata paddy/upland	AB551594	Y	ND	Y	100%	
	NS25B	Niigata paddy	AB551604	ND	ND	ND	100%	
	NS28	Niigata paddy	AB551602	Y	ND	Y	100%	
	NS31A	Niigata paddy	AB551599	Y	ND	Y	100%	
	<i>Zoogloea</i>	UNPF86	Niigata paddy	KY003149	Y	ND	Y	100%
		UNPF89	Niigata paddy	AB696880	Y	ND	Y	100%

- ◆ **N₂O减排微生物**是指具有减少土壤N₂O排放功能的一类微生物
- ◆ 可以是微生物本身具有合成活性N₂O的 *nosZ*基因的N₂O还原细菌
- ◆ 可以是具有土壤N₂O减排效应但不含 *nosZ* 基因的植物根际促生菌

❖ 田间原位试验

❖ 接种至有机肥表面



❖ 固氮螺菌属TSH100 减少37%灰色低地土N₂O排放;

❖ TSH100 和草螺菌 UKPF54分别减少火山灰土氧化亚氮排放21%、 23%

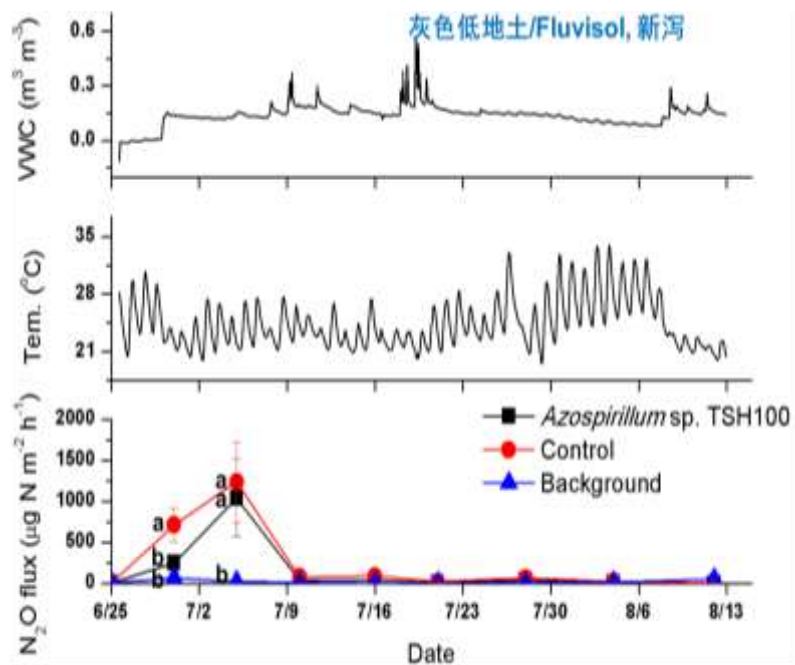


Fig. WVC, temperature and N₂O flux after inoculation of *Azospirillum* sp. TSH100 into granular organic fertilizer in the field plots, Nagao

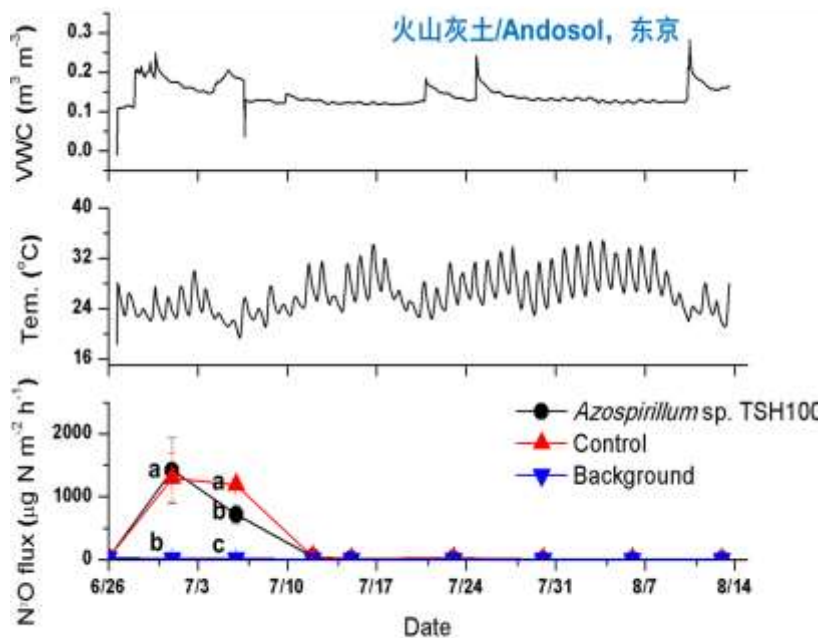


Fig. WVC, temperature and N₂O flux after inoculation of *Azospirillum* sp. TSH100 into granular organic fertilizer in the field plots, Nishitokyo

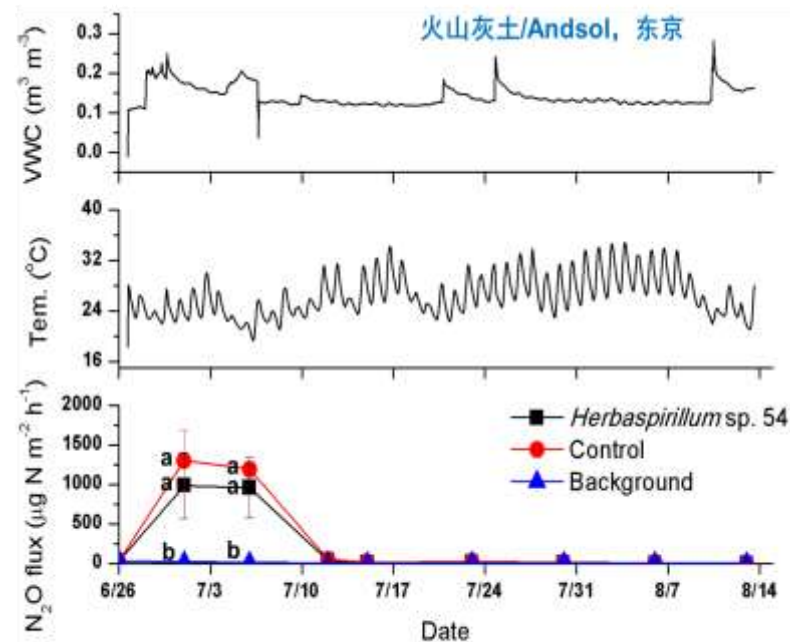


Fig. WVC, temperature and N₂O flux after inoculation of *Herbaspirillum* sp. 54 into granular organic fertilizer in the field plots, Nishitokyo

接种N₂O还原细菌减少了两种典型农业土壤N₂O排放

处理	火山灰土累计排放量 (mg N m ⁻²)	灰色低地土 (mg N m ⁻²)
<i>Azospirillum</i> sp. 41-3	400.2 (87.9%)	348.5 (126.7%)
<i>Azospirillum</i> sp. TSA2s	524.1 (115.2%)	263.7 (95.9%)
<i>Azospirillum</i> sp. TSH100	358.7 (78.8%)	174.2 (63.3%)
<i>Bradyrhizobium</i> sp. KH20C	417.0 (91.6%)	268.4 (97.6%)
<i>Bradyrhizobium</i> sp. UNPF42	513.3 (112.8%)	298.4 (108.5%)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 19	406.0 (89.2%)	241.7 (87.9%)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 45-3	436.4 (95.9%)	235.6 (85.7%)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 54	348.6 (76.6%)	255.5 (92.9%)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 56b	413.3 (90.8%)	343.6 (124.9%)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 9c	451.0 (99.1%)	444.8 (161.8%)
Control	455.1 (100.0%)	275.0 (100.0%)
Background	20.2 (4.4%)	25.2 (9.1%)

The values in brackets indicate the relative cumulative N₂O emissions compared to control.

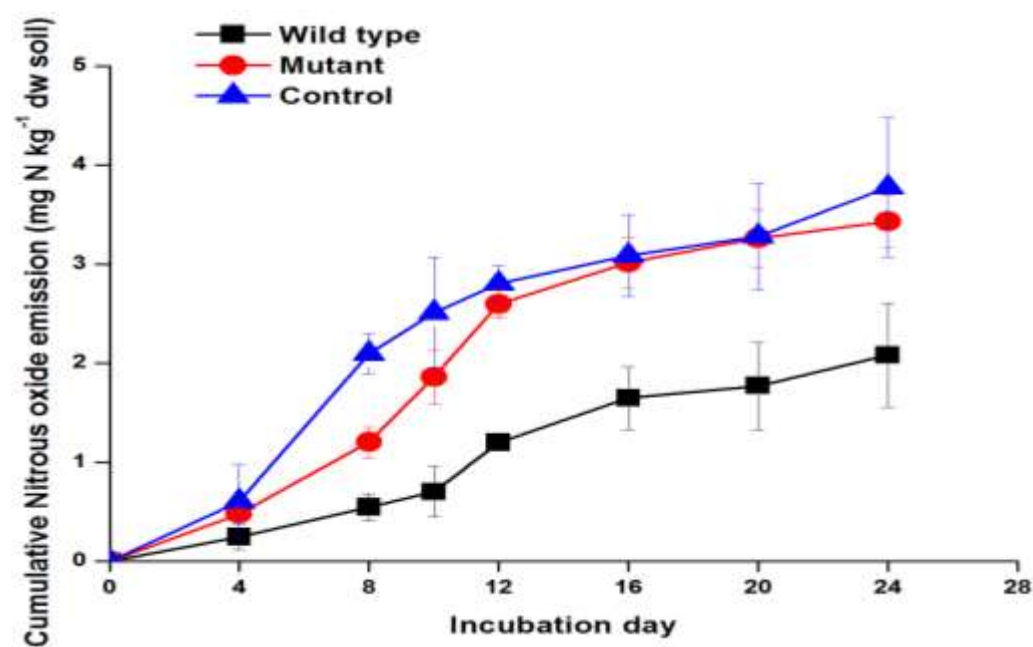
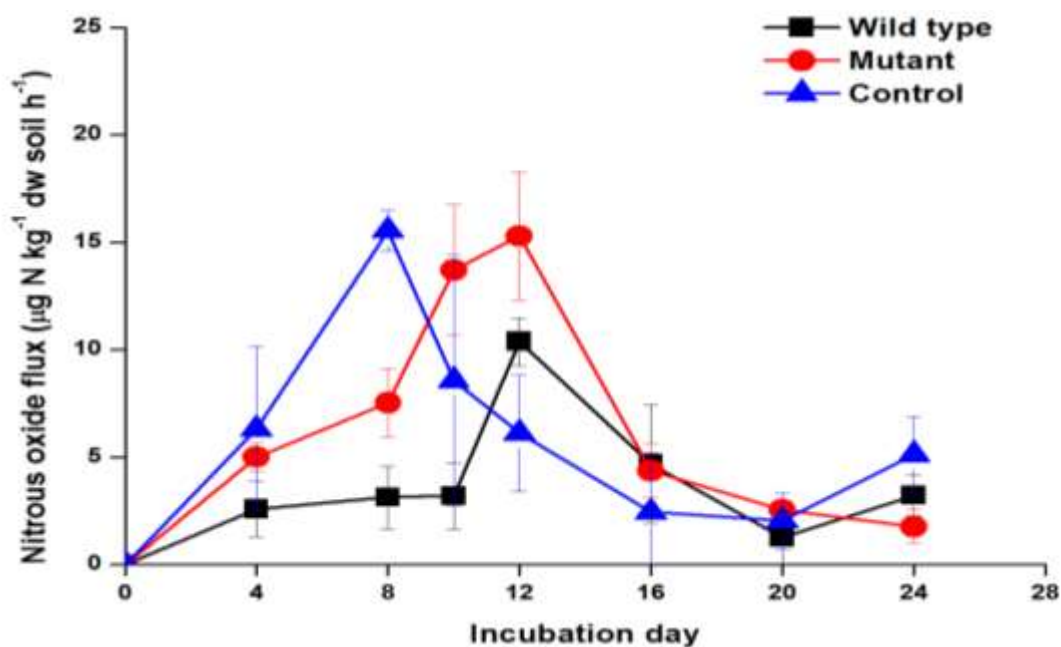
接种N₂O还原细菌减少土壤N₂O排放可重现

处理	火山灰土累计排放量 (mg N m ⁻²)	灰色低地土 (mg N m ⁻²)
<i>Azoarcus</i> sp. KH32C	192.0 (92.9%)	284.4 (102.0%)
<i>Azospirillum</i> sp. TSA2s	190.6 (92.2%)	276.9 (99.3%)
<i>Azospirillum</i> sp. TSH100	245.2 (118.7%)	254.5 (91.3%)
<i>Bacillus</i> sp. RSN7-1	207.3 (100.3%)	276.2 (99.1%)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 19	228.1 (110.4%)	283.2 (101.6)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 45-3	214.7 (103.9%)	265.2 (95.1%)
<i>Herbaspirillum</i> sp. 54	162.0 (78.4%)	252.0 (90.4%)
Control	206.7 (100%)	278.7 (100.0%)
Background	10.1 (4.9%)	30.0 (10.8%)

The values in brackets indicate the relative cumulative N₂O emissions compared to control.

接种菌株的N₂O还原酶决定着N₂O的排放

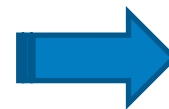
- ❖ *Azoarcus* sp. KH32C 的 *nosZ* 基因突变菌株
- ❖ 在土壤微宇宙条件下, *A. KH32C* 显著降低了火山灰土的N₂O排放, 但 *nosZ* 基因突变菌株失去了N₂O还原能力



1. 将制备的微生物菌剂直接施用到土壤



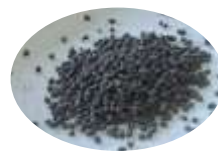
微生物菌剂



2. 将制备的微生物菌剂与肥料或其他载体等结合后施入土壤



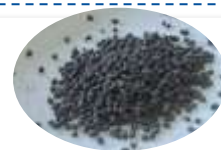
微生物菌剂



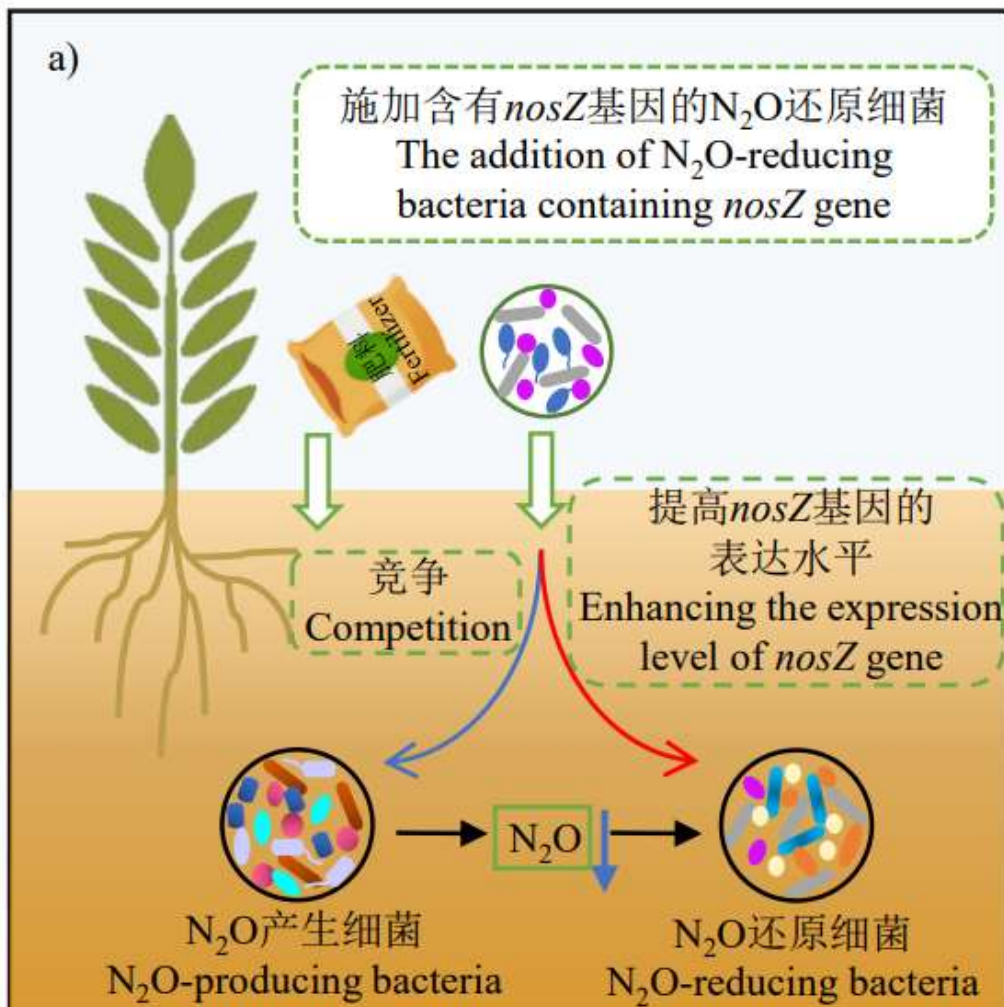
3. 构建具有N₂O减排效应的微生物菌群，制备成菌剂直接施入或与肥料等载体结合后再施入



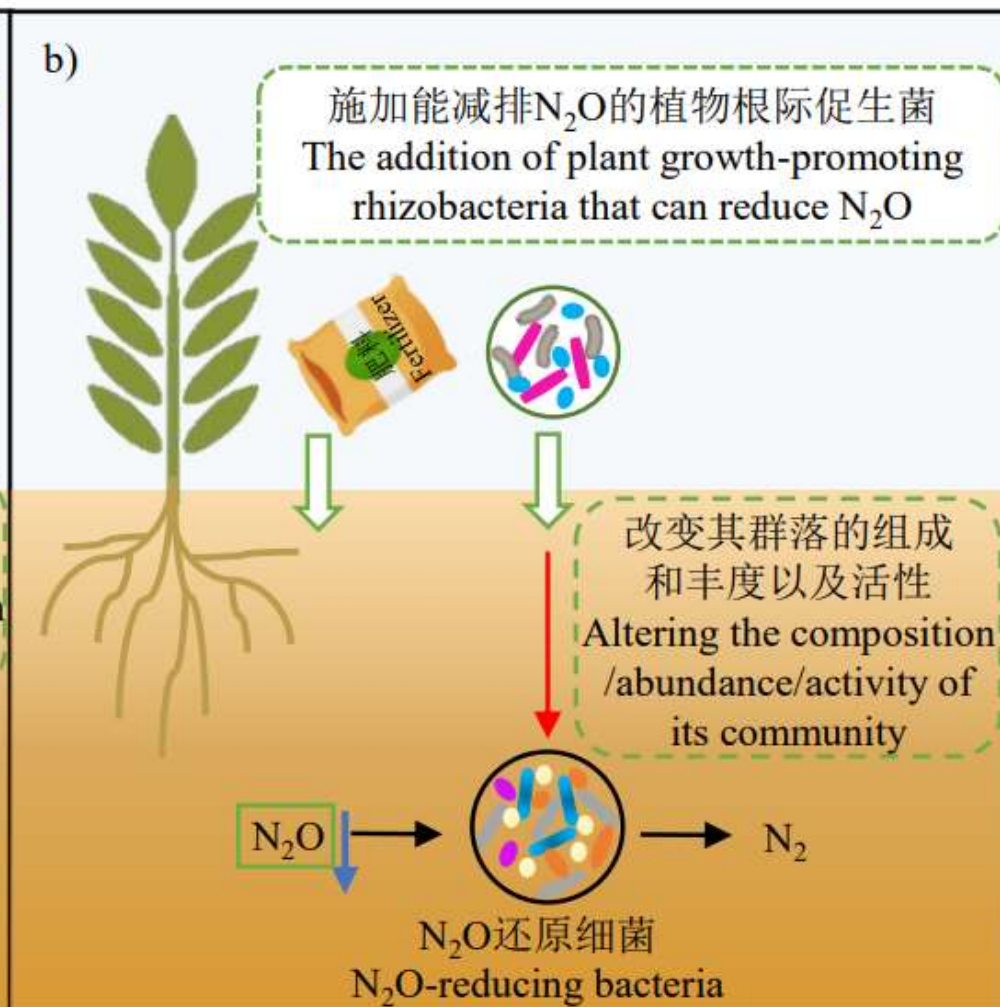
微生物菌群



(a) 直接机制



(b) 间接机制

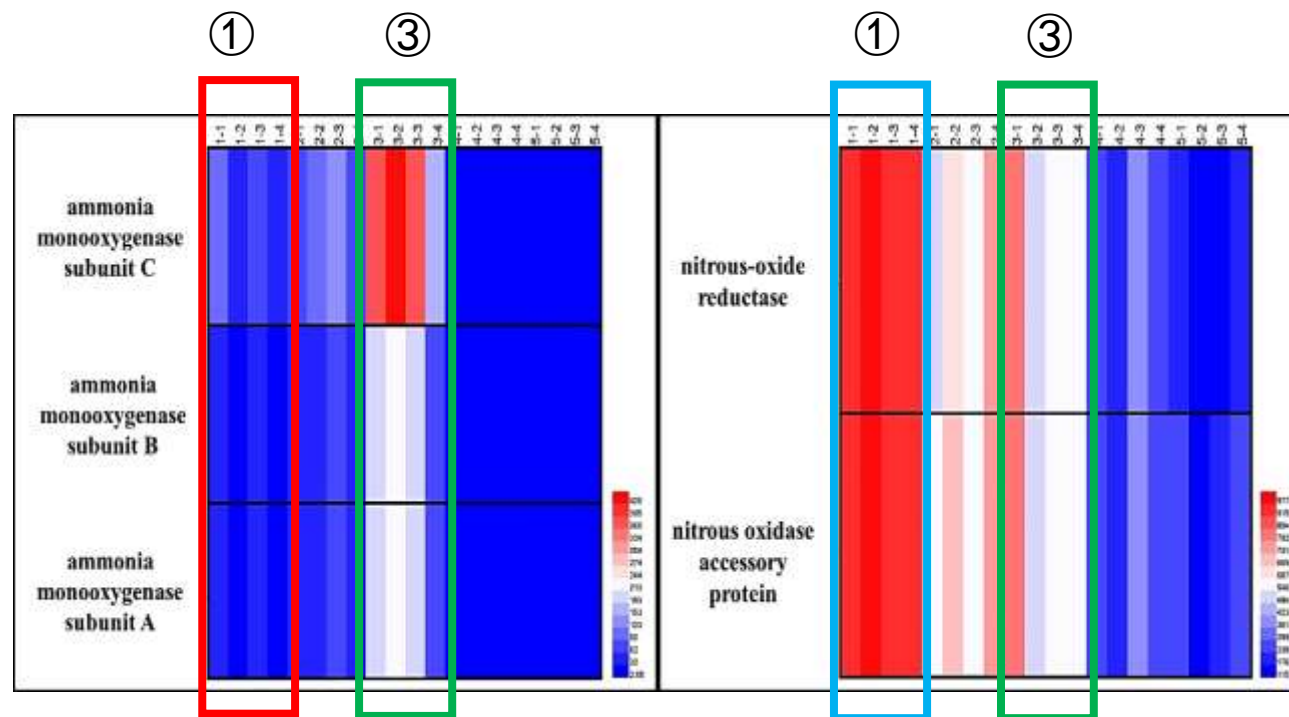


在酸性土壤中施加解淀粉芽孢杆菌 *Bacillus amyloliquefaciens* (BA)，研究BA对植物生长和N₂O排放速率的影响

- 5 the control
- ⊗ 4 oil-seed rape only
- 3 urea treatment with oil-seed rape;
- ⊖ 2 inactivated BA treatment with oil-seed rape;
- 1 active BA treatment with oil-seed rape;

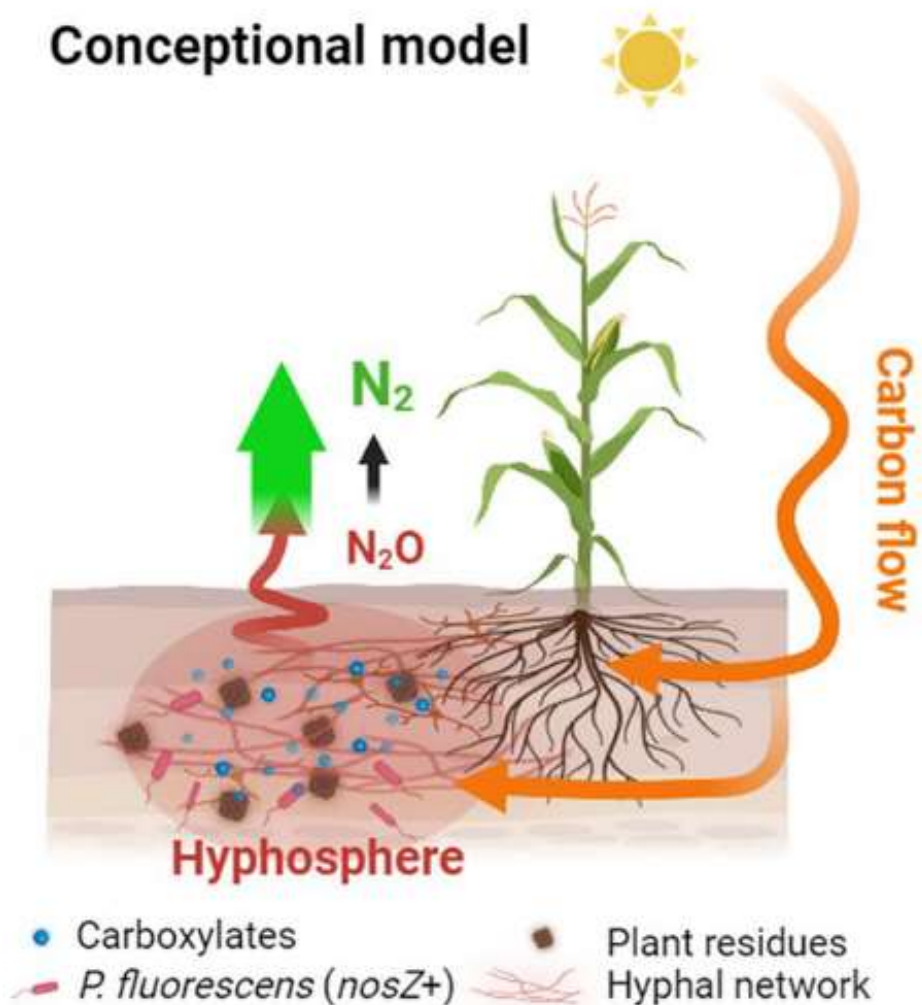
温室盆栽试验

- ✓ 添加BA可以促进植物生长;
- ✓ 与对照相比，添加BA可使N₂O排放**减少50%**;
- ✓ 添加BA通过减少氨氧化细菌 (AOB) 部分**抑制硝化过程**;
- ✓ 添加BA通过增加N₂O还原细菌的丰度**增强反硝化过程**。

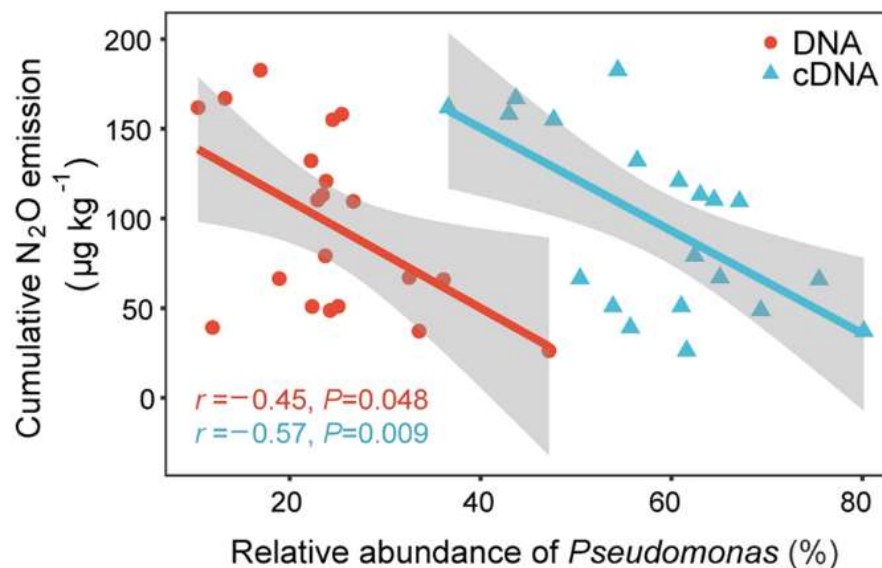


基于PICRUST分析氨氧化过程和N₂O还原过程中功能基因的热图

Conceptional model



AMF根外菌丝富集了*nosZ*型反硝化细菌尤其是假单胞菌，形成区别于土体的细菌群落结构，增加和上调了*nosZ*基因丰度和表达，促进了 N_2O 还原过程，从而减少了蚕豆根茬区 N_2O 排放。



菌株 Microbial strain	<i>nosZ</i> 基因 <i>nosZ</i> gene	来源 Source	供试体系 Test system	N ₂ O 减排 ^a N ₂ O emission reduction /%	土壤特征 Soil feature	作物 ^b Crop	参考 文献 Refere nces
N₂O 还原细菌:							
<i>Azoarcus</i> sp. KS11B	有	水稻土	微宇宙试验	63 [#]	冲积土	无	[14]
<i>Niastella</i> sp. KS31B	有	水稻土	微宇宙试验	61 [#]	冲积土	无	[14]
<i>Burkholderia</i> sp. TSO47-3	有	水稻土	微宇宙试验	44 [#]	冲积土	无	[14]
<i>Dyadobacter fermentans</i> NS114 ^T	有	表面灭菌 的玉米茎	微宇宙试验	51 [^]	耕地和牧 草地	无	[43]
<i>Azospirillum</i> sp. TSH100	有	水稻土	盆栽试验	76 [#]	冲积土	红花苜蓿 ⁺	[12]
			田间试验	37 [#]	冲积土	无	[11]
<i>Novoherbaspirillum</i> sp. UKPF54	有	水稻土	盆栽试验	83 [#]	冲积土	红花苜蓿 ⁺	[12]
			田间试验	23 [#]	火山灰土	无	[11]
<i>Bradyrhizobium</i> <i>japonicum</i> USDA110	有	大豆根瘤	盆栽试验	83 [#]	火山灰土	大豆	[13]
			田间试验	56 [#]	火山灰土	大豆	[13]
<i>Bradyrhizobium</i> <i>japonicum</i> 5M09	有	自然突变	盆栽试验	89 [#]	火山灰土	大豆	[13]
			田间试验	56 [#]	火山灰土	大豆	[13]
非 N₂O 还原细菌:							
<i>Bacillus</i> <i>amyloliquefaciens</i> EBL11	无	水稻根际	盆栽试验	43 [*]	红壤	油菜 ⁺	[45]
			田间试验	33-72 [*]	红壤	茶树 ⁺	[48]
<i>Trichoderma viride</i> EBL13	无	土壤	盆栽试验	68 [*]	红壤	蕹菜	[46]
			田间试验	33-72 [*]	红壤	茶树 ⁺	[48]

注: ^aN₂O 减排 (#) 累积排放量, (^) 潜在 N₂O 产生速率, (*) N₂O 排放量。 ^b作物情况: (+) 表示作物生物量或产量增加。

Note: ^a N₂O emission reduction: (#) cumulative N₂O emission, (^) potential N₂O production rate, (*) N₂O emission. ^b Crop situation: (+) indicates crop biomass or crop production increased.

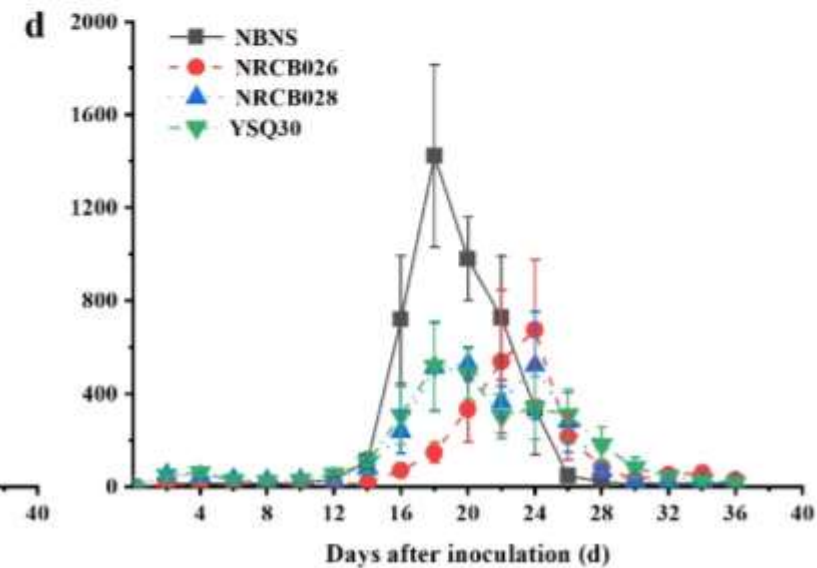
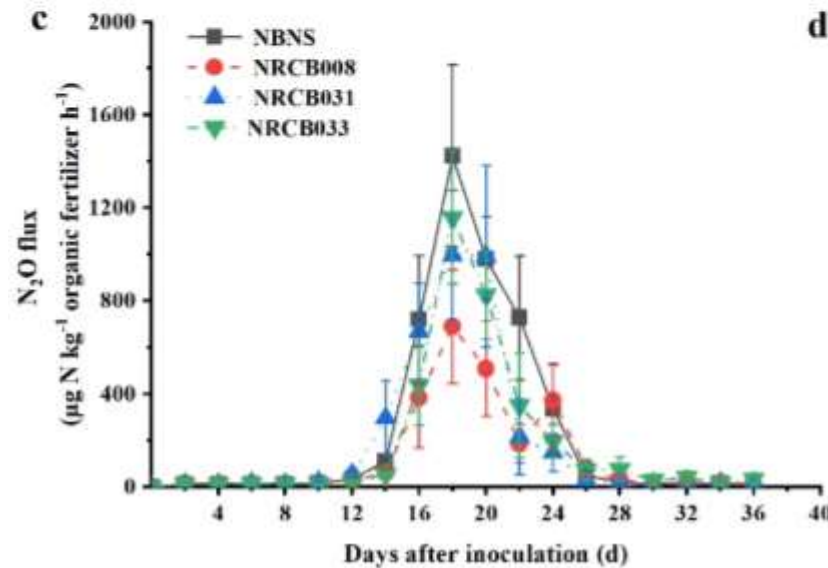
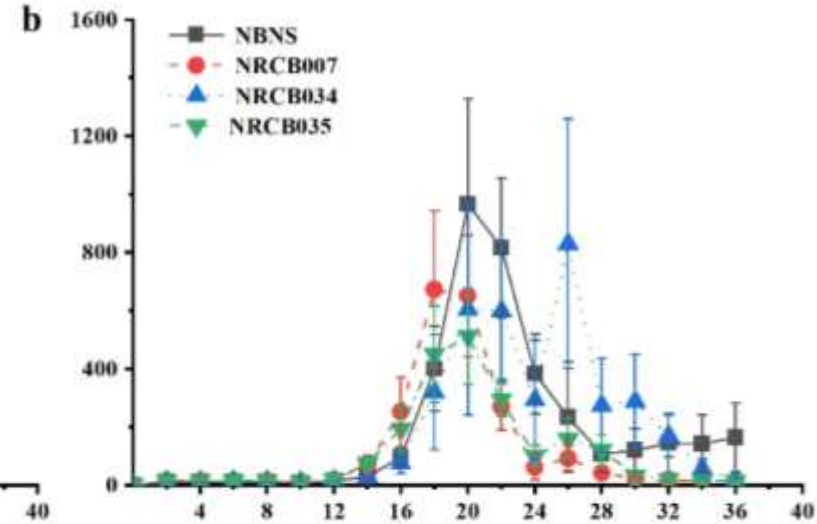
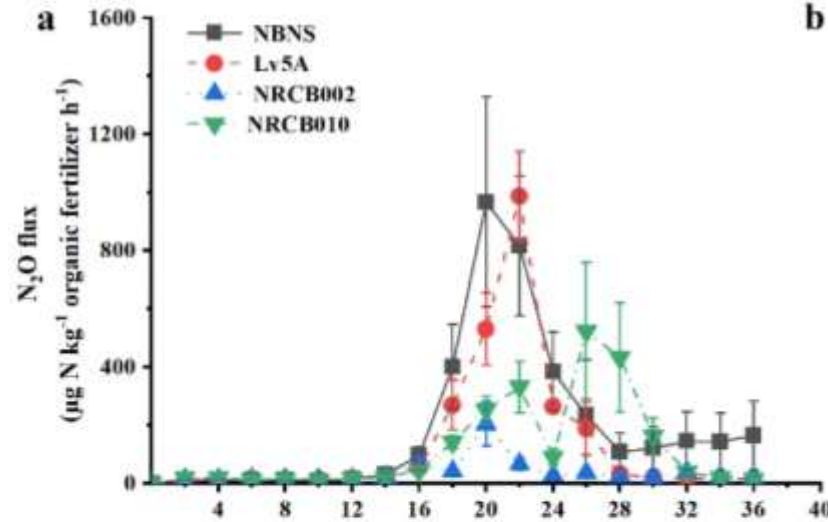
微生物肥料核心菌种75%以上为芽孢杆菌类

菌株编号	种或属	菌株编号	种或属	菌株编号	种或属
23909	<i>Paenibacillus glucanolyticus</i>	NRCB010	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	NRCB033	<i>Paenibacillus sp.</i>
ATCC 14580	<i>Bacillus licheniformis</i>	NRCB019	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	NRCB034	<i>Bacillus subtilis</i>
CICC 22682	<i>Bacillus aryabhatai</i>	NRCB022	<i>Bacillus sp.</i>	NRCB035	<i>Bacillus sp.</i>
NRCB001	<i>Bacillus megaterium</i>	NRCB023	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	NRCB036	<i>Bacillus aryabhatai</i>
NRCB002	<i>Bacillus subtilis sp. subtilis</i>	NRCB024	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	NRCB037	<i>Bacillus megaterium</i>
NRCB003	<i>Bacillus subtilis</i>	NRCB026	<i>Bacillus siamensis</i>	NRCB038	<i>Bacillus sp.</i>
NRCB004	<i>Bacillus sp.</i>	NRCB028	<i>Achromobacter denitrificans</i>	TAS2S	<i>Azospirillum sp.</i>
NRCB005	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	NRCB029	<i>Achromobacter denitrificans</i>	TSH100	<i>Azospirillum sp.</i>
Lv5A	<i>Bacillus albus</i>	YSQ30	<i>Achromobacter denitrificans</i>	NRCB039	<i>Bacillus subtilis</i>
NRCB007	<i>Bacillus licheniformis</i>	NRCB031	<i>Bacillus subtilis</i>	Z1	<i>Bacillus subtilis</i>
NRCB008	<i>Paenibacillus sp.</i>	NRCB032	<i>Bacillus aryabhatai</i>	Z2	<i>Bacillus subtilis</i>

❖ 自主分离筛选：***Bacillus sp.* (18), *Achromobacter sp.* (3), *Pseudomonas sp.* (3), *Paenibacillus sp.* (1)**

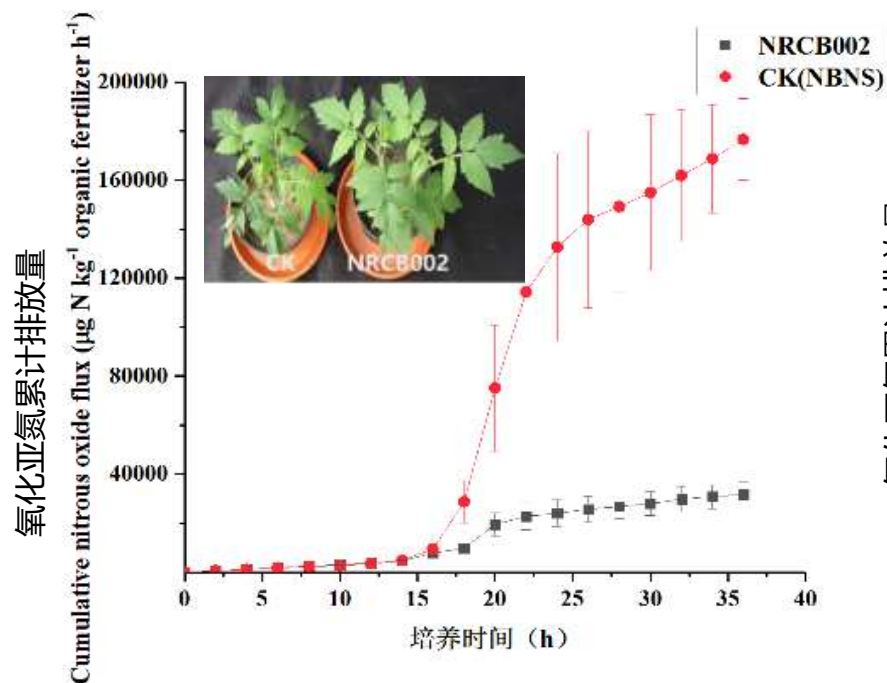
11株植物根际促生菌明显降低了有机肥的N₂O排放通量

- ❖ *Bacillus albus* Lv5A
- ❖ *Bacillus subtilis* sp. *subtilis* NRCB002
- ❖ *Pseudomonas stutzeri* NRCB010
- ❖ *Bacillus licheniformis* NRCB007
- ❖ *Bacillus* sp. NRCB035
- ❖ *Paenibacillus* sp. NRCB008
- ❖ *Bacillus subtilis* NRCB031
- ❖ *Paenibacillus* sp. NRCB033
- ❖ *Bacillus siamensis* NRCB026
- ❖ *Achromobacter denitrificans* NRCB028
- ❖ *Achromobacter denitrificans* YSQ030

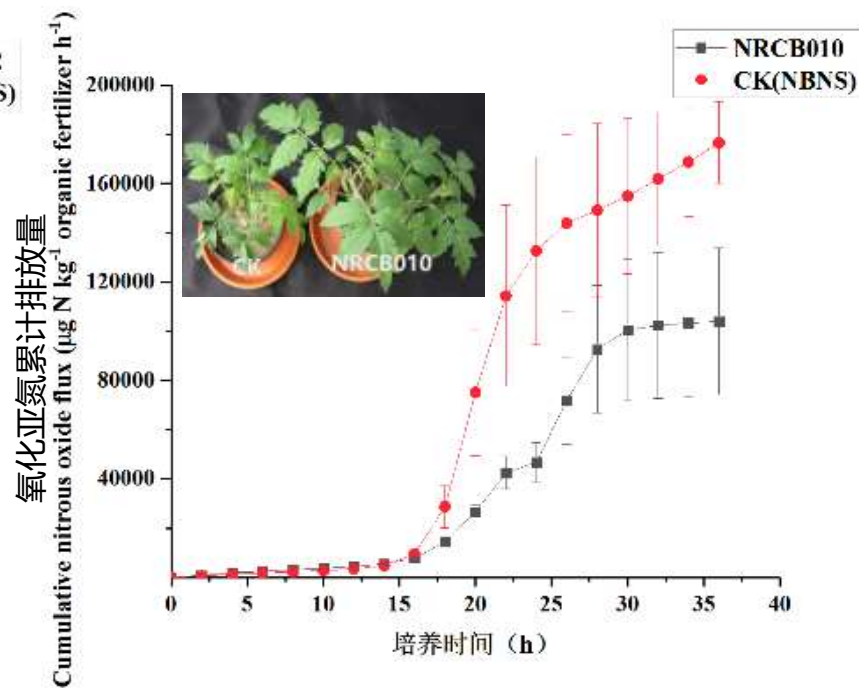


5株发明专利菌株促生减排效果明显

Bacillus subtilis subsp. *subtilis* NRCB002



Pseudomonas stutzeri NRCB010



详见研究团队申请的相关国家发明专利：高南等，枯草芽孢杆菌枯草亚种NRCB002（已授权）、施氏假单胞菌NRCB010（已授权）、暹罗芽孢杆菌NRCB026（已公开）；申卫收等，白色芽孢杆菌Lv5（已授权）、反硝化无色杆菌YSQ030（已公开）

- 与不接菌对照相比，枯草芽孢杆菌枯草亚种NRCB002 减排N₂O 82.0%，施氏假单胞菌NRCB010减排N₂O 41.1%
- 暹罗芽孢杆菌NRCB026、白色芽孢杆菌Lv5、反硝化无色杆菌YSQ030也具有有良好的减排效果

电子供体导致 N_2O 与上游N-还原酶之间的
电子竞争

抑制或延缓 N_2O 的还原

NO_3^-
的可用
性

碳源的
可用
性

O_2 浓度

*nosZ*基因的表达抑制，
与其它反硝化基因的表达相比，其对 O_2 更敏感

N_2OR 由两个铜亚基组
成，每个亚基包含一
个双核 Cu_A 中心和一
个独特的四核 Cu_Z 中心

Cu浓
度

$N_2O \rightarrow N_2$

水分含
量

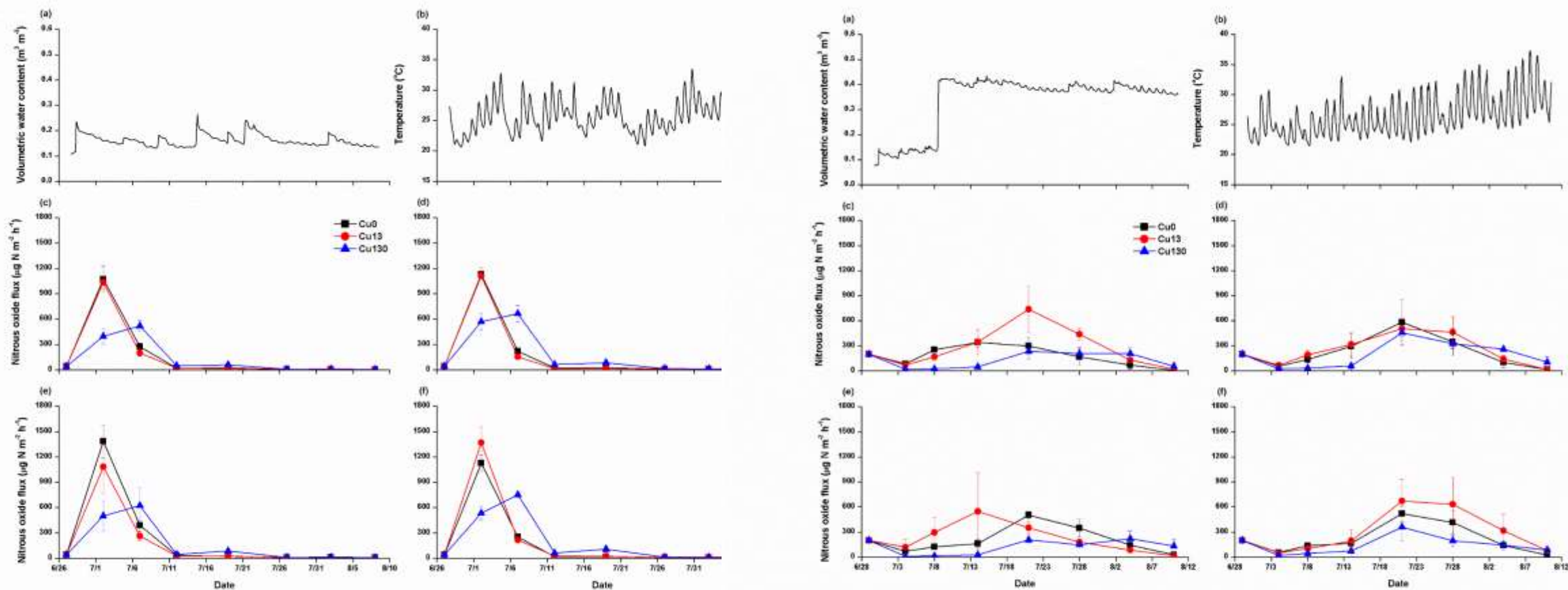
决定了 O_2 的有效性，同
时影响养分在土壤基质
中的扩散和运输以及微
生物细胞的代谢活性

pH

温度

影响细胞周质中
 N_2OR 的组装或折叠

影响 N_2O 产生和还原
过程中的酶活性



- 1 • 筛选获得的具有N₂O减排效应的菌株数量有限
- 2 • 接种微生物在自然环境中存活和定殖等情况不够明确
- 3 • 接种微生物功能发挥的微生物生态学机制不够清晰
- 4 • 有效调控接种微生物功能发挥的技术手段缺乏
- 5 • 评估N₂O减排效果的方法还有待改进

1. Inoculation with N₂-generating denitrifier strains mitigates N₂O emission from agricultural soil fertilized with poultry manure. *Biol. Fert. Soils* 2014, 50: 1001–1007
2. Inoculation with nitrous oxide (N₂O)-reducing denitrifier strains simultaneously mitigates N₂O emission from pasture soil and promotes growth of pasture plants. *Soil Biol. Biochem.* 2016, 97: 83-91.
3. Nitrous oxide (N₂O)-reducing denitrifier-inoculated organic fertilizer mitigates N₂O emissions from agricultural soils. *Biol. Fert. Soils* 2017, 53: 885-898.
4. Genome sequences of two *Azospirillum* sp. strains, TSA2S and TSH100, plant growth-promoting rhizobacteria with N₂O mitigation abilities. *Microbiol. Resour. Announc.* 2019, 8:e00459-19
5. Genome sequences of *Anthrobacter* sp. UKPF54-2, a plant growth-promoting rhizobacteria isolated from paddy soil. *Microbiol. Resour. Announc.* 2019, 8:e01005-01009
6. Genome sequences of *Novoherbaspirillum* sp. UKPF54, a plant growth-promoting rhizobacterial strain with N₂O-mitigation abilities isolated from a paddy soil. *Microbiol. Resour. Announc.* 2020, 9: e00999-00919
7. Effects of copper on nitrous oxide (N₂O) reduction in denitrifiers and N₂O emissions from agricultural soils. *Biol. Fert. Soils* 2020, 56:39-51
8. Different strategies for colonization and prevalence after inoculation with plant growth-promoting rhizobacteria revealed by a monitoring method, *Soil Sci. Plant Nutr.* 2022, 68:4, 442-453
9. Simultaneous nitrogen removal and plant growth promotion using salt-tolerant denitrifying bacteria in agricultural wastewater. *Microbes Environ.* 2022, 37(3): ME2202

10. 四株植物根际促生菌对农田土壤N₂O排放的影响. *南京信息工程大学学报 (自然科学版)*, 2022, 14 (1) : 32–39
11. 微生物介导的农业土壤氧化亚氮减排研究进展. *土壤学报*, 2023, 60 (2) : 332–344

国家发明专利

1. 一种白色芽孢杆菌及其应用. 国家发明专利, 专利授权号: ZL2021102324147
2. 一种反硝化无色杆菌及其应用. 国家发明专利, 公开号: CN114806924A
3. 一株暹罗芽孢杆菌及其应用. 国家发明专利, 专利授权号: ZL202111420421.6
4. 一株施氏假单胞菌及其应用. 国家发明专利, 专利授权号: ZL202010071098.5
5. 一株耐盐产乙偶姻的枯草芽孢杆菌. 国家发明专利, 专利号: ZL201910191640.8

- 日本东京大学妹尾啓史教授、大冢重人准教授
- 北京大学磯部一夫副教授
- 南京工业大学高南副教授
- 实验室全体成员
- 日本農林水産業食品科学技術研究推進事業项目
- 日本学术振兴会外国人特别研究员项目
- 国家自然科学基金面上项目
- 江苏省特聘教授





南京信息工程大学
Nanjing University of Information Science & Technology

谢谢！ 请提出宝贵意见和建议！

