

大气 CO₂ 浓度升高对稻田水体细菌及大肠菌群数量的影响

郭 嘉¹, 户其亮¹, 朱建国², 张卫建^{1,3,*}

(1. 南京农业大学应用生态研究所, 南京 210095; 2. 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008;
3. 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要: 稻田水体中细菌(尤其是其中的大肠菌群)数量的多少及活性深刻影响着水体质量和物质循环, 然而大气 CO₂ 浓度升高对它们的影响至今鲜有报道。为此, 借助国际上唯一的稻麦复种 FACE (free air CO₂ enrichment) 试验(位于江苏省江都市, 始于 2004 年), 于 2006 年对稻田水体中细菌数量、大肠菌群数量、总有机碳量和总氮量等进行了动态监测。结果表明, 大气 CO₂ 浓度升高显著提高了以上各指标在稻田水体中的含量 ($P < 0.01$), 在整个水稻生育期, 与对照相比, 水体中的细菌数量、大肠菌群数量、总有机碳量和总氮量平均分别提高了 45.9%、68.8%、31.2% 和 25.9%, 不同生育期之间上述各指标存在显著差异 ($P < 0.01$)。可见, 大气 CO₂ 浓度升高不仅可通过改变稻田水体质量的方式来影响水稻的安全生产, 而且还可能通过田间排水尤其是水稻生长前期的暴雨导致的洪涝来加重稻田生态系统向周边居民井水和其它水域的细菌和大肠菌群的输出量, 从而可能影响周边水体质量及人体健康。

关键词: 稻田; 大气 CO₂ 浓度升高; 细菌; 大肠菌群; 全球变化

文章编号: 1000-0933(2009)03-1300-09 中图分类号: Q143 文献标识码: A

Effects of atmospheric CO₂ enrichment on the population sizes of aquatic microbial and coliform group in paddy field ecosystem

GUO Jia¹, HU Qi-Liang¹, ZHU Jian-Guo², ZHANG Wei-Jian^{1,3,*}

1 Institute of Applied Ecology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China

2 Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China

3 Institute of Crop Breeding and Cultivation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; China

Acta Ecologica Sinica, 2009, 29(3): 1300 ~ 1308.

Abstract: The quantity of the bacteria, especially the coliform group, in paddy water influenced the water quality and the matter circulation. However, there were few reports on that, especially under CO₂ elevated condition. Therefore, by the aid of the internationally exclusive Free Air CO₂ Enrichment of the rice-wheat sequential cropping system (started in 2004, located in Jiangdu county, Jiangsu province), this research did dynamic monitor on the population sizes of the bacteria and the coliform group, the concentrations of the total organic carbon (TOC) and the total nitrogen (TN) in paddy field water. The results showed that elevated atmospheric CO₂ significantly increased the population sizes of the bacteria and the coliform group, as well as the concentrations of TOC and TN ($P < 0.01$). Compared to the ambient plot, bacteria, coliform group, TOC and TN were respectively enhanced by 45.9%、68.8%、31.2% and 25.9% on average in FACE plot. There were significantly differences in bacteria population size, coliform group population size, water TOC and water TN between different rice growing stages ($P < 0.01$). Those results demonstrate that atmospheric CO₂ enrichment may aggravate the

基金项目: 国家教育部博士点基金资助项目; 新世纪优秀人才资助计划资助项目 (NCET-05-0492); 国家科技部“十一五”支撑计划资助项目 (2006BAD15B02, 2006BAD02A15)

收稿日期: 2007-10-10; 修订日期: 2008-06-17

致谢: 本研究在实验过程中得到了美国 North Carolina State University 的 Shuijin Hu 博士的帮助, 特此致谢。

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zwj@njau.edu.cn

export of coliform group and bacteria from the paddy ecosystem to the surrounding wells and rivers through field drainage and rainstorms at the early stage of rice. Therefore elevated atmospheric CO₂ may influence the rice security production and threaten human health.

Key Words: paddy; elevated atmospheric CO₂; bacteria; coliform group; global change

大气 CO₂ 浓度已由 250a 前的 260 ~ 280 μmol·mol⁻¹ 上升到现在的 380 μmol·mol⁻¹ 左右^[1], 预计到 20 世纪中叶, 大气中 CO₂ 浓度将增加至 720 μmol·mol⁻¹ 左右^[2]。大气 CO₂ 浓度的增高通过显著影响植物地上部的光合作用及同化量深刻影响着地下生态系统^[3]。已有研究表明, 大气 CO₂ 浓度增高促进了水稻根系生长^[4~7], 使根系分泌物增多^[8], 增强了土壤微生物活性^[9], 促进了土壤有机质分解, 提高了土壤中的微生物量^[10,11]。然而, 在大气 CO₂ 浓度增高条件下, 稻田水体中微生物和养分的变化情况怎样, 目前还未见报道。

稻田水体微生物直接参与稻田生态系统的物质循环和能量转化, 其中的一些致病类微生物, 比如广泛存在的大肠埃希氏杆菌、肠道球菌等肠道致病菌等还可通过稻田进入周边水域来影响这些水域的水体质量。大肠菌群在水中的种群数量往往与这些肠道致病菌成显著正相关^[12], 其超过一定标准常会通过水源污染造成肠道传染病的流行和扩散^[13]。大气 CO₂ 浓度增高可能会促使稻田水体微生物及其中的大肠菌群增殖, 进而通过稻田排水或强降雨等导致的洪涝释放到环境水体系统, 影响到饮用水质量及人体健康。因此, 本研究借助全球唯一的稻麦复种 FACE 试验(始于 2004 年, 江苏省江都市), 于 2006 年对稻田水体中细菌数量、大肠菌群数量、水体呼吸、总有机碳量和全氮量等进行了动态监测, 拟了解大气 CO₂ 浓度增高情况下, 稻田水体微生物的响应特征及相关机制, 为未来气候背景下稻田水体物质循环和安全生产提供理论依据和技术途径。

1 材料与方法

1.1 试验区概况和试验设计

稻作 FACE 系统平台位于江苏省江都市小纪镇宗村良种站(119°42'0"E, 32°35'5"N), 年降雨量 1000 ~ 1100mm, 水稻生长季节日均温 27℃, 年日照时数大于 2000h, 年无霜期大于 230d, 土壤类型为砂姜土, 耕作方式为稻麦复种。FACE 平台共有 3 个 CO₂ 浓度升高(Elevated CO₂)处理圈(3 次重复)和 3 个对照(Ambient CO₂)处理圈(3 次重复)。每个圈之间的间隔大于 90m, 以防止 CO₂ 的释放对其他圈的影响。CO₂ 浓度升高圈为正八角形, 直径 14.5m, 通过其周围的管道向其中心喷散纯 CO₂ 气体, 计算机自动检测和控制圈内的 CO₂ 浓度, 使其全生育期内始终比周围大气 CO₂ 浓度高 200 μmol·mol⁻¹, 误差控制在 10%。对照圈除大小与 CO₂ 浓度升高圈相同外, 其余环境条件与自然状态完全一致。稻田灌溉水来自同一条河水, 并通过农业灌溉水渠对稻田进行随机灌溉, 每次均保证 6 个圈同时得到灌溉。第一次采样的同时采回灌溉水进行测量, 其 pH 值为 7.70, 细菌数量为 4.60 万 cfu/ml (cfu = colony forming units), 水体呼吸为 12.18 mg CO₂/(L·d), 大肠菌群数量为 1400 cfu/L, 总有机碳含量为 47.23 mg/L, 总氮含量为 2.21 mg/L (各指标测量方法见 1.3 水样分析测定)。水分管理为 6 月 13 日 ~ 7 月 10 日保持浅水层(约 5cm), 7 月 11 日 ~ 8 月 4 日多次轻搁田, 8 月 5 日至收割前 7 日进行间隙灌溉。其它田间管理措施按照当地高产栽培要求进行。

1.2 水样采集

水样采集在 3 个 CO₂ 浓度升高区(3 次重复)和 3 个对照区(3 次重复)中进行。采集时先将直径约为 5cm 的 PVC 管插入稻田土中 2 ~ 3cm, 然后用一次性针筒采完管中土层上部的全部水样。每个处理小区内采用五点取样法, 采集的水样储存于已灭菌的聚乙烯瓶中后即刻放入装有冰袋的保温箱中, 当天带回无菌操作室后立即测量水样的 pH 值, 然后吸取 40ml 水样置于 28℃ 阴暗处培养(1 周后测量其呼吸), 再将剩余水样放入 4℃ 冰箱中待测其它指标, 细菌数量和大肠菌群数量均在采样后 2 ~ 3d 内测量。在 FACE 运行的 1 个水稻生长季节内, 共采集 5 次水样(水稻于 2006 年 6 月 14 日移栽), 每次均在稻田灌水 2d 后采集并且避开阴雨天, 根据水稻的生长季节进行采样, 采样时期分别为返青期(6 月 19 日), 分蘖期(7 月 7 日), 拔节期(7 月 25

日),孕穗期(8月17日)和抽穗期(9月2日)。

另外,本试验于2007年4月29日,在FACE试验站测定了CO₂浓度增高对稻田灌溉水pH值的直接影响。试验中将盛有500ml稻田灌溉水的烧杯分别放入CO₂浓度升高圈和对照圈中,静置8h后测量水体pH值,以排除不同处理间土壤呼吸释放的CO₂及土壤酸性物质含量差异对水体pH值的影响。

1.3 水样分析测定

水样pH值用雷磁数显pH计测量,大肠菌群数量采用稀释培养测数法(MPN法)测量并根据发酵管数查MPN表进行计数和计算^[14],细菌数量采用稀释平板测数法测量^[14],将每个水样均稀释至10⁻¹,10⁻²,10⁻³等3个浓度后分别接种到牛肉膏蛋白胨琼脂平板培养基上,每个浓度3次重复,37℃下培养24h后根据文献中的方法对其进行计数和计算^[14],水体呼吸采用碱液吸收滴定法测量^[15],总有机碳采用高温外热重铬酸钾氧化-容量法测定^[16],总氮采用开氏定氮法测定^[15],其中有关微生物的所有测量工作均在无菌操作室中进行。

1.4 数据分析

采用Microsoft Excel 2003对试验数据进行处理,并在SPSS 11.5软件中运用F检验方法和Bivariate Correlations过程对结果进行统计分析和相关性分析。

2 结果与分析

2.1 稻田水体细菌种群大小

从图1可以看出,水稻整个生育期内,CO₂浓度增高田块和对照田块水体中细菌数量表现出较为一致的趋势,即先降低,至分蘖期达最低,后又逐渐升高,但是CO₂浓度增高田块水体中的细菌数量始终显著高于对照。抽穗期提高得最多,为64.6%,其次为孕穗期(56.4%)、分蘖期(50.8%)和拔节期(36.0%),提高最少的为返青期,只有21.8%,但经统计分析表明其差异仍达到了显著水平($P < 0.01$),水稻整个生育期内平均提高了45.9%,也达到了极显著水平(表1, $P < 0.01$)。可见,随着水稻生育期的延续,CO₂浓度升高对稻田水体中细菌数量的影响为:返青期(21.8%) < 分蘖期 ~ 孕穗期(平均为47.7%) < 抽穗期(64.6%)。

2.2 稻田水体呼吸

从图2可以看出,随着水稻生育进程,CO₂浓度增高田块和对照田块水体呼吸表现出与细菌数量相似的变化趋势,即先降低,至分蘖期降为最低后又升高,抽穗期达最高,对照田块则略有不同,分蘖期达最低后升高,至孕穗期又有所降低后至抽穗期又升至最高。CO₂浓度增高显著促进了稻田水体呼吸(图2),最高可达278.4%(孕穗期),最低只提高了24.7%(分蘖期),但仍然达到了显著水平($P < 0.05$),其他生育期的提高量分别为160.6%(返青期)、94.8%(拔节期)、198.6%(抽穗期),整个生育期平均提高了151.4%,均达显著水平(表1, $P < 0.01$)。

2.3 稻田水体中大肠菌群的数量及占细菌数量的比例

图3显示出CO₂浓度增高显著增加了稻田水体中大肠菌群数量。水稻的返青期、分蘖期、拔节期、孕穗期和抽穗期,CO₂浓度增高田块水体中的大肠菌群数量分别比对照田块增加了40.4%、96.8%、47.1%、66.7%和93.0%,全生育期平均增加了68.8%,均达到极显著水平(表1, $P < 0.01$)。另外,由图中还可得,CO₂浓度

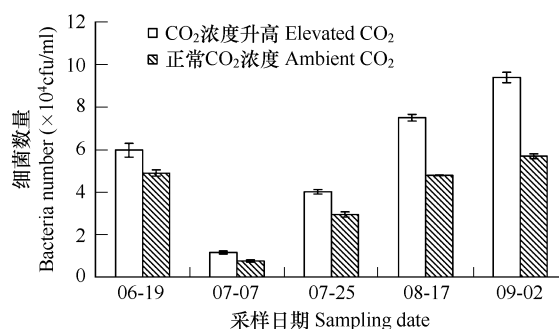


图1 CO₂浓度增高对稻田水体细菌数量的影响

Fig. 1 Effect of elevated CO₂ on the bacteria number in paddy field

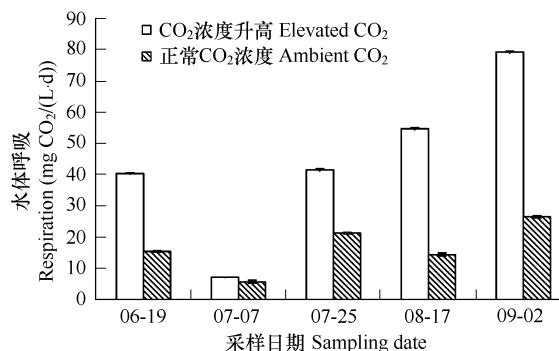


图2 CO₂浓度增高对稻田水体呼吸的影响

Fig. 2 Effect of elevated CO₂ on aquatic respiration in paddy field

增高对稻田水体中大肠菌群数量的提高表现出与细菌相同的效应,即返青期(40.4%) < 分蘖期~孕穗期(平均为 70.2%) < 抽穗期(93.0%)。

图 3 还表明,随着水稻的生长,大肠菌群数量在 CO₂ 浓度增高田块和对照田块中的变化趋势表现出与水体呼吸相一致的变化趋势,其在水稻各生育期间的差异也达到了极显著水平(表 1, $P < 0.01$)。

然而,图 4 却显示,随着水稻的生长,大肠菌群数量占细菌总数量的比例与大肠菌群的变化趋势相反,先升高,至分蘖期达最高,后又降低。尽管 CO₂ 浓度增高田块水体中这一比例在水稻各生育时期均高于对照且整个水稻生育时期平均高出 15.2%,但统计分析结果表明,各个生育期由 CO₂ 浓度增高所导致的差异并不显著($P > 0.01$)。

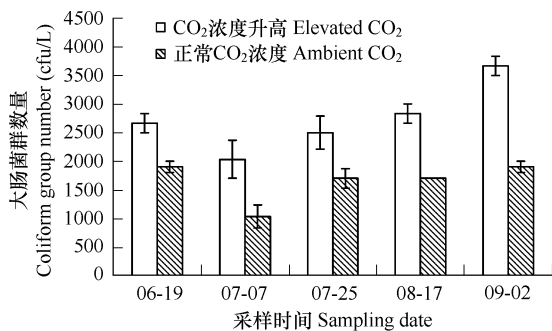


图 3 CO₂ 浓度增高对稻田水体中大肠菌群数量的影响

Fig. 3 Effect of elevated CO₂ on the coliform group number in paddy field

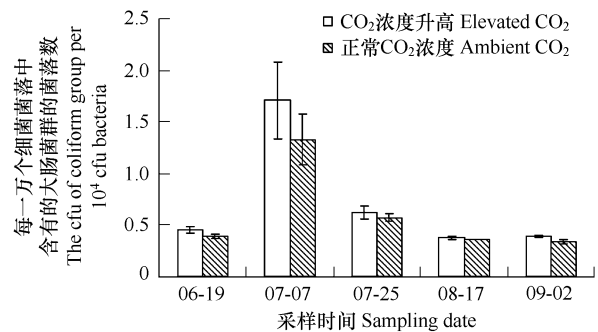


图 4 CO₂ 浓度增高对稻田水体中大肠菌群数量占细菌总数量的比例的影响

Fig. 4 Effect of elevated CO₂ on the proportion of coliform group taking up in bacteria in paddy field

2.4 稻田水体 pH 值

从图 5 可以看出,每次采样所得 CO₂ 浓度增高田块水体 pH 平均值除第 3 次略微高于 7.0 外,其余均低于 7.0,最低可达 6.8 左右,而对照田块则均高于 7.0,最高可达 7.4 以上。可见,大气 CO₂ 浓度增高使得稻田水体 pH 值降低,酸性增强。统计分析结果表明,CO₂ 浓度增高田块水体 pH 值比对照田块平均降低 2.6%,达显著差异(表 1, $P < 0.01$)。其中,在水稻的孕穗期和抽穗期 pH 值可降低高达 4.1% 和 4.9%,而在水稻生长早期,较为不发达的根系分泌出的酸性物质也较少,从而使 pH 值降低较小,如返青期、分蘖期只分别降低了 1.0% 和 0.7%,拔节期略高于早期,降低了 2.2%。

由图 5 还可看出 CO₂ 浓度增高条件下稻田水体 pH 值在水稻前期变化不大,拔节期有所降低后到孕穗期达最高,后在抽穗期又降至最低;对照则是在拔节期以前略微有所上升,到孕穗期达最高,后在抽穗期有所降低,各生育期间稻田水体 pH 值差异显著(表 1, $P < 0.01$)。

图 6 显示大气 CO₂ 浓度升高可略微降低烧杯中稻田灌溉水的 pH 值。但统计分析表明,处理与对照间不存在显著差异($P > 0.05$),说明由大气 CO₂ 浓度升高对水体 pH 值的直接效应不显著。

2.5 稻田水体总有机碳(TOC)含量

CO₂ 浓度增高田块与对照田块水体总有机碳变化见图 7,由图可得,整个水稻生育期内,无论 CO₂ 浓度增

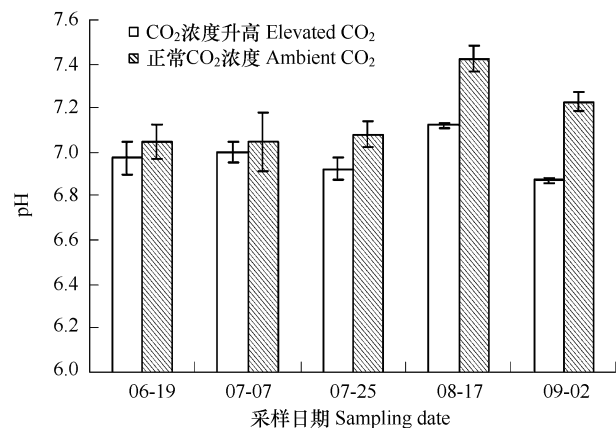


图 5 CO₂ 浓度增高对稻田水体 pH 值的综合效应

Fig. 5 The integrated effect of elevated CO₂ on aquatic pH in paddy field

高田块还是对照田块, TOC 含量均变化不大, 然而, CO_2 浓度增高对稻田水体 TOC 的提高效应则表现出一定程度的变化, 先由返青期的 35.4% 降至分蘖期的 18.4%, 然后又逐渐上升至孕穗期的 47.8% 后, 又降至抽穗期的 24.2%, 整个生育期内平均提高了 31.2%, 经统计分析表明, 均达显著水平 ($P < 0.01$)。

2.6 稻田水体总氮 (TN) 含量

图 8 揭示了另一种稻田水体重要营养物质——总氮 (TN) 在大气 CO_2 浓度升高条件下的变化, 与 TOC 不同, 随着水稻生育期的延续, 稻田水体的 TN 在 CO_2 浓度增高和对照条件下均表现出先升高后降低, 拔节期最高, 至抽穗期最低。 CO_2 浓度增高对 TN 提高效应与 TOC 相反, 先由返青期的 19.9%, 上升至分蘖期的 26.2%, 接着到拔节期便升高到提高效应最大的 34.3%, 到孕穗期下降至 23.4% 后又上升至抽穗期的 25.8%, 整个生育期内平均高出 25.9%, 统计分析结果表明差异也均达到显著水平 (表 1, $P < 0.01$)。

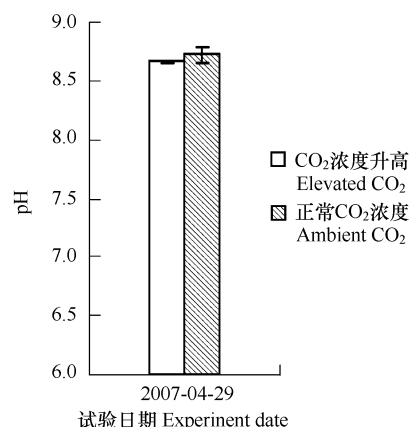


图 6 CO_2 浓度增高对稻田水体 pH 值的直接效应

Fig. 6 The direct effect of elevated CO_2 on aquatic pH in paddy field

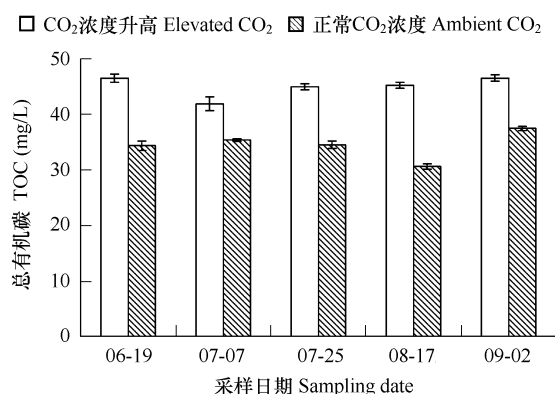


图 7 CO_2 浓度增高对稻田水体中总有机碳含量的影响

Fig. 7 Effect of elevated CO_2 on aquatic TOC in paddy field

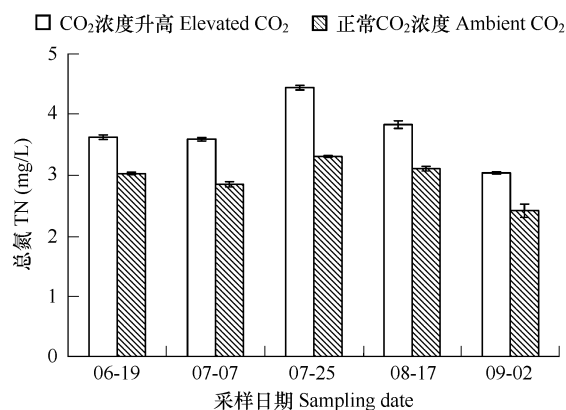


图 8 CO_2 浓度增高对稻田水体中总氮的影响

Fig. 8 Effect of elevated CO_2 on aquatic TN in paddy field TN

表 1 细菌、水体呼吸、大肠菌群、大肠菌群占细菌总量的比例、pH 值、总有机碳、总氮两因素方差分析 F 值

Table 1 F -values of a two-way factorial ANOVA on bacteria, respiration, coliform group, rate of coliform group in bacteria, pH, TOC, TN

因素 Source	自由度 df	细菌 Bacteria	水体呼吸 Respiration	大肠菌群 Coliform group	大肠菌群占 细菌总数量 的比例 Rate of Coliform group in bacteria	pH	总有机碳 TOC	总氮 TN
生育期 Date	4	501.9 (< 0.01)	4819.5 (< 0.01)	8.1 (< 0.01)	23.7 (< 0.01)	6.0 (< 0.01)	11.0 (< 0.01)	144.7 (< 0.01)
CO_2 处理 CO_2 Treatment	1	307.6 (< 0.01)	17003.5 (< 0.01)	59.9 (< 0.01)	1.6 (0.22)	20.2 (< 0.01)	610.7 (< 0.01)	610.9 (< 0.01)
生育期 Date $\times$ CO_2 处理 CO_2 Treatment	4	35.8 (< 0.01)	1678.6 (< 0.01)	1.6 (0.20)	0.6 (0.70)	2.2 (0.11)	10.4 (< 0.01)	9.7 (< 0.01)
误差 Error	20							

括号中注明的是 P 值 with P values in parentheses

3 讨论

作为水体微生物的主要种群,细菌不仅参与和调控水中各种生物化学过程,而且其在水中含量的高低还是水体质量的主要指标。本研究显示,大气 CO₂ 浓度增高使得稻田水体中的细菌数量和大肠菌群数量平均显著提高了 45.9% 和 68.8%,同时反映着微生物总活性的水体呼吸强度也平均显著提高了 151.4%,李杨^[10]、徐国强^[11]等在无锡 FACE 试验站的研究结果也显示大气 CO₂ 浓度增高使得稻田 0~10cm 土层的细菌数量明显高于对照,甚至在水稻某些生育期极显著高于对照,而且使得稻田土壤呼吸在水稻各生育期明显高于对照;来自于与本试验同一试验站的研究也表明 CO₂ 浓度增高使得水稻土壤呼吸显著高于对照^[17];Sowerby^[18]、Ball^[19]和 Willams^[20]等在森林和草原生态系统中的研究结果也显示出大气 CO₂ 浓度增高促进了土壤呼吸,提高了其中的微生物量;罗艳^[21]分析了大量研究后也指出大部分研究结果都表明 CO₂ 浓度增高加快了土壤微生物呼吸。环境中微生物数量和活性的改变往往是由于它们生存环境中营养物质含量的变化^[22],本试验中,CO₂ 浓度增高还使稻田水体 TOC 和 TN 含量在水稻全生育期平均显著提高 31.2% 和 25.9%,表 2 中还显示,除水体 TN 与细菌的相类性未达到显著水平外,TOC 与细菌、水体呼吸、大肠菌群以及 TN 与水体呼吸、大肠菌群均显著相关。可见,稻田水体中碳氮类物质含量是影响其中微生物数量的重要因子。关于这点在很多关于土壤的研究中也得到了证实,如国外许多研究都表明,大气 CO₂ 浓度增高加速了根系的周转^[23],促进了根系的分泌^[24],增加了根区沉积物总量^[25],从而使得输入到土壤中的碳源^[26]和氮源^[27]增加,增加了微生物利用的底物^[28],提高了土壤微生物活性^[22],增加了微生物量^[29~32]。国内马红亮等^[33]在无锡 FACE 站的研究也表明 CO₂ 浓度增高条件下由水稻根系分泌进入土壤的总碳和总糖分别平均增加了 14.9% 和 21.7%,王大力等^[8]的研究也表明 CO₂ 浓度倍增条件下单株水稻根系分泌的 TOC 量比对照显著提高了 81.5%。然而,众多研究都指出^[34~36],水中碳氮类物质主要来源于土壤有机质或其分解产物的溶解,本试验中有关 pH 的研究也显示,CO₂ 浓度增高对降低水体 pH 值的直接效应并不显著(图 6),但综合效应却很明显(图 5),结合表 2 中结果,pH 与 TOC 显著负相关,与 TN 也具有一定的负相关性,可见,水体中 TOC 和 TN 的提高主要是由于 CO₂ 浓度升高对水稻生长的促进效应,是一个作物-土壤-水体的生物学过程。上面已指出,大气 CO₂ 浓度增高提高了土壤中的碳氮量、微生物量及活性,同时,CO₂ 浓度增高还通过促进植物根系的扩张和生长^[22,37]来使土壤结构变的疏松,减小了碳氮类物质向上层水体中迁移的阻力,从而间接提高水体中 TOC 和 TN 含量;微生物量及活性的提高则促进了土壤中和根系分泌物中难溶的复杂碳氮类有机物的溶解^[38]以及 CO₂ 浓度增高条件下更多凋落物的分解^[39],这些分解产物通过向上层水体中迁移也增加了其中 TOC 和 TN 含量;而且,CO₂ 浓度增高会引起稻田温度升高^[40],而温度升高则增强了土壤的呼吸作用和矿化作用,加速了土壤碳、氮的释放^[41],从而也可提高水体中 TOC 和 TN 含量。但是,环境中氮源的供应往往成为微生物生长繁殖的限制因子^[42,43],本研究中,CO₂ 浓度增高虽然使返青期 TOC 提高了 35.4%,仅次于孕穗期的 47.8%,但此期 TN 在所有生育期中提高最小,仅为 19.9%(其余时期均在 23% 以上),因此使得此期细菌和大肠菌群在各生育期中提高最小。另外,CO₂ 浓度增高田块水体中微生物生长繁殖所需的大量矿质元素钙、镁等^[44]显著增加,这也为细菌的增殖提供了条件。

表 2 细菌、水体呼吸、大肠菌群、pH 值、总有机碳、总氮的相关系数

Table 2 The correlations among bacteria, respiration, coliform group and pH, TOC, TN

	细菌 Bacteria	水体呼吸 Respiration	大肠菌群 Coliform group	总有机碳 TOC	总氮 TN
pH	-0.08 (0.83)	-0.44 (0.20)	-0.50 (0.14)	-0.71 (<0.05)	-0.41 (0.25)
总有机碳 (TOC)	0.68 (<0.05)	0.74 (<0.05)	0.82 (<0.01)	1	0.56 (0.09)
总氮 (TN)	0.33 (0.43)	0.73 (<0.05)	0.79 (<0.05)	0.56 (0.09)	1

括号中注明的是 *P* 值 with *P* values in parentheses

由本研究还可看出,CO₂ 浓度增高田块大肠菌群在细菌中的比例高于对照,这可能是由于大肠菌群能更

好地吸收利用水中的碳氮源,使其生长繁殖速率超过其他种类细菌群体的增殖速率所致,如表 2 结果显示大肠菌群与水体 TOC 和 TN 含量的相关性明显高于细菌,而且由 CO₂ 浓度升高带来的“热岛效应”^[40]也利于大肠菌群的增长。这也许预示着 CO₂ 浓度增高会引起细菌群体内部各菌种群落结构的变化,但还有待进一步研究。但是,大肠菌群的增加,将在一定程度上通过田间排水和洪涝而影响周边水域的水质,甚至影响到周边区域饮用水质量,从而威胁人体健康。

随水稻生育时期的延续,本研究中各指标表现出不同程度变化,这一方面可能是由于不同水稻生育时期地下生物学过程不同^[4, 5, 10]导致进入水体中碳氮类物质的量和比例也不同,进而引起各指标随水稻不同生育时期表现出不同变化;另一方面可能与灌溉水中相应各指标随温度、降雨等自然状况的变化有关,通过对比实验数据和采样时期气候情况表明,凡是采样前多雨低温,微生物指标往往偏低,如在常下大暴雨的水稻分蘖期的细菌数量和水体呼吸强度明显偏低,而在抽穗期温度较高,此时细菌和大肠菌群数量及水体呼吸强度都较高,但这些因素并没有影响到处理与对照间的差异趋势。

4 结论

大气 CO₂ 浓度升高显著提高了稻田水体中细菌和大肠菌群的数量,同时还显著增加了其中的 TOC 和 TN 含量。本研究认为,大气 CO₂ 浓度升高主要通过影响作物-土壤过程来显著增加稻田土壤向其上层水体中碳氮源的输出量,从而提高了水体中可供微生物利用的养分,最终使得大气 CO₂ 浓度升高条件下稻田水体中微生物数量及活性均显著提高。大气 CO₂ 浓度升高随着不同的水稻生育阶段对稻田水体细菌和大肠菌群的影响不同,基本表现出随着水稻生育期的延续,对细菌和大肠菌群数量的提高效应增加。另外,水稻生育时期的变化、灌溉水中各指标随气温、降雨等生态环境情况的变化会改变稻田水体中细菌和大肠菌群的数量。

References:

- [1] Lowenstein T K, Demicco R V. Elevated eocene atmospheric CO₂ and its subsequent decline. *Science*, 2006, 313: 1928.
- [2] Fang J Y, *et al.* Global Ecology: Climate Change and Ecological Responses. Beijing: China Higher Education Press Beijing and Springer-Verlag Heidelberg, 2000. 7.
- [3] Hu Shuijin, Firestone M K, Stuart Chapin F III. Soil microbial feedbacks to atmospheric CO₂ enrichment. *Trends Ecol Evol*, 1999, 14(11): 433—437.
- [4] Yang H J, Yang L X, Liu H J, *et al.* Effects of free Air CO₂ enrichment on root system and yield in rice. *Acta Agronomica Sinica*, 2005, 31(9): 1221—1226.
- [5] Chen G P, Zhu J G, Xie Z B, *et al.* Effects of free air CO₂ enrichment on root morphology of rice. *Ecology and Environment*, 2005, 14(4): 503—507.
- [6] Zhu C W, Zeng Q, Zhu J G, *et al.* Effect of free air CO₂ enrichment (FACE) on root growth of C₃ crop and C₄ Weed. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2006, 22(1): 1—4.
- [7] Lin W H, Wang D L. Effects of elevated CO₂ on growth and carbon partitioning in rice. *Chinese Science Bulletin*, 1998, 43(23): 1982—1985.
- [8] Wang D L, Lin W H. Effects of CO₂ elevation on root exudates in rice. *Acta Ecologica Sinica*, 1999, 19(4): 570—572.
- [9] Yuan X X, Lin X G, Ying R, *et al.* Effects of elevated atmospheric CO₂ on decomposition of wheat straw in paddy field. *Journal of Agro-Environment Science*, 2005, 24(2): 242—246.
- [10] Li Y, Xu G Q, Huang G H, *et al.* Effects of free air CO₂ enrichment (FACE) on soil microbial biomass under rice-wheat rotation. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(10): 1847—1850.
- [11] Xu G Q, Li Y, Shi Y, *et al.* Effect of free air CO₂ enrichment on soil microbe in paddy field. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2002, 13(10): 1358—1359.
- [12] Liu F, Wu X L. Microorganisms indicating pathogen contamination in waters and their detection. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2007, 1(2): 139—144.
- [13] Fang H. *Escherichia coli*. Shijiazhuang: Science and Technology Press in Heibei, 1997. 243—249.
- [14] Zhao B, He S J. Microbiology experiment. Beijing: Science Press, 2002. 69—75.
- [15] Lu R K. Soil and agricultural chemistry analysis methods. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000. 127—129, 238—240.

- [16] Bao S D. Soil and agricultural chemistry analysis. Beijing: China Agricultural Press, 2000. 30—34.
- [17] Kang Y J, He F, Shan J, *et al.* Study on paddy soils biochemical indexes and microbial populations in the condition of free-air CO₂ enrichment. *Journal of Agro-Environment Science*, 2006, 25(6): 1508—1512.
- [18] Sowerby A, Blum H, Gray TRG, *et al.* The decomposition of *Lolium perenne* in soils exposed to elevated CO₂: comparisons of mass loss of litter with soil respiration and soil microbial biomass. *Soil Biol Biochem*, 2000, 32: 1359—1366.
- [19] Ball SA, Milne E, Drake BG. Elevated atmospheric-carbon dioxide concentration increases soil respiration in a mid-successional lowland forest. *Soil Biol Biochem*, 2000, 32: 721—723.
- [20] Willams M A, Rice C W, Owensby C E. Carbon dynamics and microbial activity in tallgrass prairie exposed to elevated CO₂ for 8 years. *Plant Soil*, 2000, 227: 127—137.
- [21] Luo Y. Response of soil microorganism to elevated atmospheric CO₂ concentration. *Ecology and Environment*, 2003, 12(3): 357—360.
- [22] Zak D R, Pregitzer K, King J S, *et al.* Elevated atmospheric CO₂, fine roots and the response of soil microorganisms: a review and hypothesis. *New Phytologist*, 2000, 147(1): 201—222.
- [23] Rattray EA, Paterson E, Killham K. Characterization of the dynamics of C-partitioning within *Lolium perenne* and to the rhizosphere microbial biomass using ¹⁴C pulse chase. *Biol Fert Soils*, 1995, 19: 280—286.
- [24] Rogers HH, Runion GB, Krupa SV. Plant responses to atmospheric CO₂ enrichment with emphasis on roots and the rhizosphere. *Environm Pollut*, 1994, 83: 155—189.
- [25] Schortemeyer M, Hartwig UA, Hendrey GR, *et al.* Microbial community changes in the rhizospheres of white clover and perennial ryegrass exposed to free air carbon dioxide enrichment (FACE). *Soil Biol. Biochem.*, 1996, 28: 1717—1724.
- [26] Willams M A, Rice C W, Owensby C E. Carbon dynamics and microbial activity in tallgrass prairie exposed to elevated CO₂ for 8 years. *Plant Soil*, 2000, 227: 127—137.
- [27] Hungate B A, Dijkstra P, Johnson D, *et al.* Elevated CO₂ increases nitrogen fixation and decreases soil nitrogen mineralization in Florida scrub oak. *Global Change Biol*, 1999, 5: 781—789.
- [28] Lipson D A, Wilson R F, Oechel W C. Effects of elevated atmospheric CO₂ on soil microbial biomass, activity, and diversity in a chaparral ecosystem. *Appl Environ Microbiol*, 2005, 71: 8573—8580.
- [29] Hungate B A, Holland E A, Jackson R B, *et al.* The fate of carbon in grasslands under carbon dioxide enrichment. *Nature*, 1997, 388: 576—579.
- [30] Dhillon S S, Roy J, Abrams M. Assessing the impact of elevated CO₂ on soil microbial activity in a Mediterranean model ecosystem. *Plant Soil*, 1997, 187: 333—342.
- [31] Zak D R, Pregitzer K S, Curtis P S, *et al.* Elevated atmospheric CO₂ and feedback between carbon and nitrogen cycles. *Plant Soil*, 1993, 151: 105—117.
- [32] Montealegre CM, Van Kessel C, Russelle MP, *et al.* Changes in microbial activity and composition in a pasture ecosystem exposed to elevated atmospheric carbon dioxide. *Plant Soil*, 2002, 243: 197—207.
- [33] Ma H L, Zhu J G, Xie Z B, *et al.* Effect of FACE(free air carbon-dioxide enrichment) on soluble C, N and P in soil during rice growing. *Soils*, 2004, 36(4): 392—397.
- [34] Perakis S S, Hedin L O. Nitrogen loss from unpolluted South American forests mainly via dissolved organic compounds. *Nature*, 2002, 415: 416—419.
- [35] Perakis S S, Hedin L O. Fluxes and fates of nitrogen in solo of an unpolluted old-growth temperate forest southern Chile. *Ecology*, 2001, 82(8): 2245—2260.
- [36] Liu M, Yu W T, Jiang Z S, *et al.* Influencing factors and ecological effects of dissolved organic carbon in soil. *Chinese Journal of Soil Science*, 2007, 38(4): 758—764.
- [37] Yang H J, Yang L X, Liu H J, *et al.* Effect of free air CO₂ enrichment on root growth dynamics of japonica rice cultivar Wuxiangjing 14. *Acta Agronomica Sinica*, 2005, 31(12): 1628—1633.
- [38] Chen J, Yao S, Ji J F, *et al.* The History and Advances of Microbial Geochemistry. *Geological Review*, 2004, 50(6): 620—632.
- [39] Norby R J, Cotrufo M F, Ineson P, *et al.* Elevated CO₂, litter chemistry, and decomposition: a synthesis. *Oecologia*, 2001, 127(2): 153—165.
- [40] Luo W H, Mayumi Y, Dai J F, *et al.* Effects of free air CO₂ enrichment on rice canopy microclimate. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2002, 13(10): 1235—1239.
- [41] Luo Y. Terrestrial carbon-cycle feedback to climate warming. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*, 2007, 38: 683—712.
- [42] Hu S, Chapin III F S, Firestone M K, *et al.* Nitrogen limitation of microbial decomposition in a grassland under elevated CO₂. *Nature*, 2001,

409: 188—191.

- [43] Li Z, Yagi K, Sakai H, *et al.* Influence of elevated CO₂ and nitrogen nutrition on rice plant growth, soil microbial biomass, dissolved organic carbon and dissolved CH₄. *Plant Soil*, 2004, 258(1): 81—90.
- [44] Li B D, Hu Z J. *Microbiology*. Beijing: China Agricultural Press, 2000. 27.

参考文献:

- [2] 方精云,等. 全球生态学: 气候变化与生态响应. 北京: 高等教育出版社; 海德堡: 施普林格出版社, 2000. 7.
- [4] 杨洪建, 杨连新, 刘红江, 等. FACE 对水稻根系及产量的影响. *作物学报*, 2005, 31(9): 1221~1226.
- [5] 陈改革, 朱建国, 谢祖彬, 等. 开放式空气 CO₂ 浓度升高对水稻根系形态的影响. *生态环境*, 2005, 14(4): 503~507.
- [6] 朱春梧, 曾青, 朱建国, 等. 大气 CO₂ 浓度升高对水稻和稗草根系生长的影响. *生态与农村环境学报*, 2006, 22(1): 1~4.
- [8] 王大力, 林伟宏. CO₂ 浓度升高对水稻根系分泌物的影响——总有机碳、甲酸和乙酸含量的变化. *生态学报*, 1999, 19(4): 570~572.
- [9] 苑学霞, 林先贵, 尹睿, 等. 大气 CO₂ 浓度升高对稻田中小麦秸秆分解的影响. *农业环境科学学报*, 2005, 24(2): 242~246.
- [10] 李杨, 徐国强, 黄国宏, 等. 开放式空气二氧化碳浓度增高(FACE)对稻麦轮作土壤微生物数量的影响. *应用生态学报*, 2004, 15(10): 1847~1850.
- [11] 徐国强, 李杨, 史奕, 等. 开放式空气 CO₂ 浓度增高(FACE)对稻田土壤微生物的影响. *应用生态学报*, 2002, 13(10): 1358~1359.
- [12] 刘芳, 吴晓磊. 指示水体病原污染的微生物及其检测. *环境工程学报*, 2007, 1(2): 139~144.
- [13] 房海. 大肠埃希氏菌. 石家庄: 河北科学技术出版社, 1997. 243~249.
- [14] 赵斌, 何绍江. *微生物学实验*. 北京: 科学出版社, 2003. 69~75.
- [15] 鲁如坤. *土壤农业化学分析方法*. 北京: 中国农业科技出版社, 2000. 127~129, 238~240.
- [16] 鲍士旦. *土壤农化分析*. 北京: 中国农业出版社, 2000. 30~34.
- [17] 康贻军, 何芳, 单君, 等. 开放式空气 CO₂ 浓度增高条件下水稻土生理生化指标及微生物区系特征的研究. *农业环境科学学报*, 2006, 25(6): 1508~1512.
- [21] 罗艳. 土壤微生物对大气 CO₂ 浓度升高的响应. *生态环境*, 2003, 12(3): 357~360.
- [33] 马红亮, 朱建国, 谢祖彬, 等. 开放式空气 CO₂ 浓度升高对水稻土壤可溶性 C、N 和 P 的影响. *土壤*, 2004, 36(4): 392~397.
- [36] 柳敏, 宇万太, 姜子绍, 等. 土壤溶解性有机碳(DOC)的影响因子及生态效应. *土壤通报*, 2007, 38(4): 758~764.
- [37] 杨洪建, 杨连新, 刘红江, 等. FACE 对武香粳 14 根系生长动态的影响. *作物学报*, 2005, 31(12): 1628~1633.
- [38] 陈骏, 姚素平, 季峻峰, 等. 微生物地球化学及其研究进展. *地质评论*, 2004, 50(6): 620~632.
- [40] 罗卫红, Mayumi Yoshimoto, 戴剑峰, 等. 开放式空气 CO₂ 浓度增高对水稻冠层微气候的影响. *应用生态学报*, 2002, 13(10): 1235~1239.
- [44] 李卓棣, 胡正嘉. *微生物学*. 北京: 中国农业出版社, 2000. 27.