

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

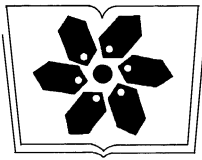
Acta Ecologica Sinica



第 31 卷 第 15 期 Vol.31 No.15 **2011**

中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心
科学出版社

主办
出版



中国科学院科学出版基金资助出版

生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

第 31 卷 第 15 期

2011 年 8 月 (半月刊)

目 次

地面节肢动物营养类群对土地覆被变化和管理扰动的响应·····	李锋瑞,刘继亮,化伟,等 (4169)
两种书虱微卫星富集文库的构建及比较·····	魏丹丹,袁明龙,王保军,等 (4182)
菲律宾蛤仔 EST-SSRs 标记开发及不同地理群体遗传多样性·····	闫喜武,虞志飞,秦艳杰,等 (4190)
菲律宾蛤仔大连群体不同世代的遗传多样性·····	虞志飞,闫喜武,杨霏,等 (4199)
玻璃温室与田间栽培小麦幼穗分化的比较·····	姜丽娜,赵艳岭,邵云,等 (4207)
施用有机肥环境下盐胁迫小麦幼苗长势和内源激素的变化·····	刘海英,崔长海,赵倩,等 (4215)
黄土高原半干旱区气候变化对春小麦生长发育的影响——以甘肃定西为例·····	姚玉璧,王润元,杨金虎,等 (4225)
不同耕作模式下稻田水中氮磷动态特征及减排潜力·····	冯国禄,杨仁斌 (4235)
大田环境下转 Bt 基因玉米对土壤酶活性的影响·····	颜世磊,赵蕾,孙红炜,等 (4244)
短期淹水培养对水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌丰度的影响·····	朱超,Stefan Ratering,曲东,等 (4251)
气候变化背景下广东晚稻播期的适应性调整·····	王华,陈新光,胡飞,等 (4261)
长期封育对不同类型草地碳贮量及其固持速率的影响·····	何念鹏,韩兴国,于贵瑞 (4270)
黄土丘陵区两种主要退耕还林树种生态系统碳储量和固碳潜力·····	刘迎春,王秋凤,于贵瑞,等 (4277)
植物叶表面的润湿性及其生态学意义·····	石辉,王会霞,李秧秧 (4287)
长白山北坡主要森林群落凋落物现存量月动态·····	郑金萍,郭忠玲,徐程扬,等 (4299)
古尔班通古特沙漠及周缘 52 种植物种子的萌发特性与生态意义·····	刘会良,宋明方,段士民,等 (4308)
吉首蒲儿根的繁殖生态学特性及其濒危成因·····	邓涛,陈功锡,张代贵,等 (4318)
栖息地永久性破坏的比例对物种多度稳定值影响的迭代算法·····	时培建,戈峰,杨清培 (4327)
喷施多效唑提高麻疯树幼苗耐盐性的生理机制·····	毛轶清,郑青松,陈健妙,等 (4334)
阿尔山落叶松主要蛀干害虫的种群空间生态位·····	袁菲,骆有庆,石娟,等 (4342)
2009 年云南省白背飞虱早期迁入种群的虫源地范围与降落机制·····	沈慧梅,吕建平,周金玉,等 (4350)
中华稻蝗长沙种群的生活史及其卵滞育的进化意义·····	朱道弘,张超,谭荣鹤 (4365)
“518”油桃主要害虫与其捕食性天敌的关系·····	施晓丽,毕守东,耿继光,等 (4372)
青藏东缘若尔盖高寒草甸中小型土壤动物群落特征及季节变化·····	张洪芝,吴鹏飞,杨大星,等 (4385)
青海可鲁克湖水鸟季节动态及渔鸥活动区分析·····	张国钢,刘冬平,侯韵秋,等 (4398)
排放与森林碳汇作用下云南省碳净排放量估计·····	刘慧雅,王铮,马晓哲 (4405)
北京城市生态占水研究·····	柏樱岚,王如松,姚亮 (4415)
专论与综述	
植物水分传输过程中的调控机制研究进展·····	杨启良,张富仓,刘小刚,等 (4427)
环境介质中的抗生素及其微生物生态效应·····	俞慎,王敏,洪有为 (4437)
自然生态系统中的厌氧氨氧化·····	沈李东,郑平,胡宝兰 (4447)
研究简报	
山东半岛南部海湾底栖动物群落生态特征及其与水环境的关系·····	张莹,吕振波,徐宗法,等 (4455)
新疆乌伦古湖浮游甲壳动物的季节演替及与环境因子的关系·····	杨丽丽,周小玉,刘其根,等 (4468)
不同施肥与灌水量对槟榔土壤氮挥发的影响·····	卢丽兰,甘炳春,许明会,等 (4477)
学术信息与动态	
水土资源保持的科学政策:全球视野及其应用——第 66 届美国水土保持学会国际学术年会述评·····	卫伟 (4485)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 320 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 34 * 2011-08



封面图说: 塞罕坝地处内蒙古高原南缘向华北平原的过渡带,地势分为坝上、坝下两部分。解放初期,这里是“飞鸟无栖树,黄沙遮天日”的荒原沙丘,自 1962 年建立了机械化林场之后,塞罕坝人建起了 110 多万亩人工林,造就了中国最大的人工林林场。这是让人叹为观止的落叶松人工林海。

彩图提供: 陈建伟教授 国家林业局 E-mail: cites.chenjw@163.com

朱超, Stefan Ratering, 曲东, Sylvia Schnell. 短期淹水培养对水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌丰度的影响. 生态学报, 2011, 31(15): 4251-4260.

Zhu C, Ratering S, Qu D, Schnell S. Effects of short-term flooding on *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. abundance in paddy soil. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(15): 4251-4260.

短期淹水培养对水稻土中地杆菌和 厌氧粘细菌丰度的影响

朱 超^{1,2}, Stefan Ratering², 曲 东^{3,*}, Sylvia Schnell²

(1. 西北农林科技大学 生命科学学院, 杨凌 712100; 2. Justus-Liebig University Giessen Institute for Applied Microbiology, Giessen 35392; 3. 西北农林科技大学 资源环境学院, 杨凌 712100)

摘要:模拟水稻土淹水过程, 采用 Real-time PCR 技术测度了不同水稻土中地杆菌 (*Geobacteraceae* spp.) 和厌氧粘细菌 (*Anaeromyxobacter* spp.) 在不同淹水时期 16S rDNA 拷贝数的变化, 比较了地杆菌和厌氧粘细菌丰度与培养过程中微生物 Fe (III) 还原的关系。结果表明, 在 4 类稻作区采集的水稻土样品中, Fe (III) 还原潜势有明显的区别, 表现出由北向南逐渐降低的趋势。从淹水 12 h 的地杆菌和厌氧粘细菌拷贝数变化看出, 采自浙江和天津的水稻土样品对淹水过程具有高度敏感性, 而采自吉林和广西的水稻土样品对淹水响应不敏感。在 17 d 的短期淹水培养中, 地杆菌丰度明显高于厌氧粘细菌, 表明地杆菌对水稻土中铁还原的贡献大于厌氧粘细菌。地杆菌和厌氧粘细菌拷贝数总体上表现出在 11 d 时达到峰值, 17 d 时显著下降。吉林水稻土中地杆菌丰度在 5 d 时达到 38.3%, 与其最大铁还原速率到达时间 (T_{vmax}) 为 4.07 d 相对应, 表明地杆菌对其铁还原过程具有重要贡献。四川水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌丰度均较低, 暗示其他兼性铁还原菌对其铁还原的作用值得重视。

关键词:水稻土; 地杆菌; 厌氧粘细菌; 丰度; real-time PCR

Effects of short-term flooding on *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. abundance in paddy soil

ZHU Chao^{1,2}, Stefan Ratering², QU Dong^{3,*}, Sylvia Schnell²

1 College of Life Sciences, Northwest A & F University, Yangling 712100, China

2 Justus-Liebig University Giessen Institute for Applied Microbiology, Giessen 35392, Germany

3 College of Resources and Environment, Northwest A & F University, Yangling 712100, China

Abstract: We investigated the Fe (III) reduction capacity and the responses of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. to 12-hour flooding, in terms of their 16S rRNA copy numbers, in five different paddy soils from four rice planting areas. We also studied the correlation between variations in abundance of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. and microbial Fe (III) reduction in soils of Jilin and Sichuan. The abundances of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. were defined as the proportions of their 16S rRNA copy numbers to the bacterial count. Water logging was simulated and slurry samples were taken at 0 hours, 12 hours, 1 day, 3 days, 5 days, 7 days, 11 days, and 17 days. The results indicated that Fe (III) reduction potential varied in different paddy soils and could be ranked in decreasing order as Jilin (5.18 g/kg), Tianjin (4.40 mg/g), Sichuan (3.40 mg/g), Zhejiang (3.07 mg/g), and Guangxi (1.86 mg/g). Thus, there appeared to be a declining trend that correlated with their geographical distributions from the north to the south. *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. in Jilin and Guangxi soils showed no sensitivity

基金项目: 国家自然科学基金项目 (40971158)

收稿日期: 2011-02-25; 修订日期: 2011-05-30

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: dongqu@nwsuaf.edu.cn

to 12-h flooding; however, *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. were sensitive to flooding in the soils of Zhejiang and Tianjin. *Geobacteraceae* spp. showed high sensitivity to flooding in Sichuan soil. During this short-term (17 day) incubation, the 16S rDNA copy number of *Geobacteraceae* spp. was on average significantly higher than that of *Anaeromyxobacter* spp. Thus *Geobacteraceae* spp. made a greater contribution to the overall Fe (III) reduction compared with *Anaeromyxobacter* spp. The 16S rDNA copy numbers of both of these iron reducers reached their peaks at 11 days and fell to 20.0% (*Geobacteraceae* spp.) and 4.1% (*Anaeromyxobacter* spp.) of the level observed at day 11, after incubation for 17 days. Meanwhile, after 1 day of incubation in flooding conditions, the numbers of *Geobacteraceae* spp. were static, whereas the numbers of *Anaeromyxobacter* spp. decreased. After day 1, they accounted for just 0.1%—4.0% of the total bacteria, suggesting little contribution to Fe (III) reduction at this stage. Notably, the abundance of *Geobacteraceae* spp. in Jilin soil was 38.3% on day 5, while the highest Fe (III) reduction rate was observed on day 4, indicating the important role played by *Geobacteraceae* spp. in Fe (III) reduction at this stage. The numbers of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. in Jilin soil increased slowly from day 5 to day 11, which coincided with the replacement of Fe (III) with sulfate as the electron acceptor from 5 days after flooding. *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. both showed low abundance in the flooding soil of Sichuan, indicating that other, more abundant microbes were responsible for facultative Fe (III) reduction and that these other microbes might be more worthy of further study. Euclidean distance clustering showed that the abundances of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. in different soils after flooding of 0 hours and 12 hours could reflect the differences in their capacities for Fe (III) reduction. The results demonstrated that the type of soil, its property, the planting area, and the variations in abundances of *Geobacteraceae* spp. in the different soils were closely related to the capacity for microbial Fe (III) reduction in flooded paddy soils.

Key Words: paddy soil; *Geobacter*; *Anaeromyxobacter*; abundance; real-time PCR

地杆菌和厌氧粘细菌是两类隶属变形杆菌 δ -亚纲的异化铁还原细菌,呈革兰氏阴性,广泛分布于厌氧沉积环境^[1-2],并且能够参与变价重金属的氧化还原、放射性金属元素稳定化及有机卤化物的生物代谢过程^[3-5]。鉴于地杆菌和厌氧粘细菌在环境修复以及微生物电池方面的重要作用,二者成为目前的研究热点^[6-7]。地杆菌和厌氧粘细菌具有代谢乙酸盐的特征,在厌氧条件下通过异化Fe (III)还原作用,能够有效地竞争电子供体使水稻土中依赖乙酸盐的产甲烷过程被抑制^[8-9]。Hori 等^[10]的研究进一步发现,地杆菌和厌氧粘细菌对氧化铁的利用具有差别,地杆菌可高效还原诸如水铁矿等易还原氧化铁,而厌氧粘细菌则能够偶联乙酸盐氧化进行还原针铁矿的呼吸代谢,显示出铁还原功能群落在抑制甲烷产生方面的重要环境意义。目前,针对水稻土中微生物丰度和群落结构的研究多集中在产甲烷菌、氨氧化细菌和古菌等功能群落上^[11],关于铁还原群落的丰度特别是其动态变化鲜有报道。

我国水稻种植历史悠久,且水稻土资源丰富。由于植稻区及耕作方式的不同,导致不同类型水稻土中土壤性质、微生物组成以及微生物铁还原能力等有一定的差别^[11-12]。地杆菌和厌氧粘细菌作为典型的铁还原微生物对不同水稻土中微生物铁还原的贡献是否存在差异?或者不同水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌对淹水培养过程的敏感性有何不同?这些问题的回答对于深入认识铁还原微生物的环境效应具有重要的理论意义。Noll 等^[13]的研究显示,水稻土细菌群落结构在淹水 1 h 到 2 d 内变化最大。那么,在此期间地杆菌和厌氧粘细菌的丰度是否也存在显著变化?这些变化能否影响不同水稻土的微生物铁还原能力?为此,本研究通过水稻土厌氧培养试验,采用 real-time PCR 技术,比较不同淹水培养时期土壤中地杆菌和厌氧粘细菌相对丰度的变化,以期探讨地杆菌和厌氧粘细菌丰度变化与不同水稻土中异化铁还原能力之间的关系,为进一步阐明地杆菌和厌氧粘细菌在土壤中的环境功能提供必要的理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

供试水稻土分别采自我国 4 类不同的稻作区^[14]:东北早熟单季稻稻作区,采样点位于吉林省吉林市丰满

区前二道乡河东村(43°44' N,126°30' E,以 JL 表示),土壤类型为简育水耕人为土(Hap-Stagnic Anthosols);华北单季稻稻作区,采样点位于天津市塘沽区四道桥农场(38°59' N,117°40' E,以 TJ 表示),土壤类型为简育水耕人为土(Hap-Stagnic Anthosols);华中双季稻稻作区的 2 个采样点分别位于四川省成都市邛崃县回龙镇柏杨村(30°18' N,103°41' E,以 SC 表示)和浙江省宁波市宁海县梅林镇新村(29°22' N,121°26' E,以 ZJ 表示),土壤类型分别为铁聚水耕人为土(Fec-Stagnic Anthosols)和潜育水耕人为土(Gen-eluvial-Stagnic Anthosols);华南双季稻稻作区,采样点位于广西省北海市铁山港区南康镇(21°35' N,109°26' E,以 GX 表示),土壤类型为铁聚水耕人为土(Fec-Stagnic Anthosols)。在水稻收获后分别采集稻田耕层 0—20 cm 的土壤,捡去植物残体,自然风干,磨细,过 1 mm 土壤筛,储存于塑料容器中,备用。土样的基本理化性质见表 1。

表 1 土壤样品基本理化性质
Table 1 Properties of soil samples

土样 Soil sample	无定形铁 Amorphous Fe /(g/kg)	游离铁 Free iron /(g/kg)	有机碳 Organic Carbon /(g/kg)	全氮 TN /(g/kg)	硝态氮 NO ₃ -N /(mg/kg)	全磷 TP /(g/kg)	速效磷 Available P /(mg/kg)	pH
JL	4.94	10.10	41.20	2.78	1.43	0.37	4.96	4.92
SC	3.08	11.69	48.90	2.45	17.50	0.72	14.50	7.34
ZJ	3.30	11.90	29.60	2.94	7.20	0.49	33.70	6.11
GX	1.92	11.24	38.40	2.69	1.32	0.62	14.60	5.10
TJ	2.69	4.22	20.40	1.25	1.40	1.26	52.83	7.85

JL、SC、ZJ、GX 和 TJ 分别表示采集自吉林省、四川省、浙江省、广西省和天津市的水稻土

1.2 培养及测定方法

试验采用土壤淹水培育方法。称取风干水稻土样品 3.000 g 若干份,置于 10 mL 血清瓶中,加 3 mL 无菌水,充 N₂除 O₂,加橡胶塞及铝盖密封,25 °C 恒温避光培养。分别设置 0 h、12 h、1 d、3 d、5 d、7 d、11 d、17 d 的淹水培养时间处理,各处理重复 3 份。采样时随机取出 1 瓶培养的泥浆,采用涡旋仪充分摇匀。迅速从瓶中分别吸取 0.4 mL 泥浆置于预先称量过的含有 4.6 mL 浓度为 0.5 mol/L 的 HCl 溶液中,称重,确定采集的泥浆质量,平行 3 份。置于 25 °C 恒温箱中浸提 24 h,3500 r/min 离心,收集滤液进行 Fe(II) 含量及测定^[15]。另取一瓶摇匀后将泥浆转入 2.0 mL 离心管中,10000 r/min 离心 5 min,收集滤液,采用 HPLC 方法测定硫酸盐含量^[16]。取第 3 份泥浆样品,置于-20 °C 冰箱中冷冻保存,用于提取土壤总 DNA。铁还原反应动力学拟合方法参见文献^[15]。

1.3 土样中微生物总 DNA 提取

将冻藏的泥浆样品室温融解后混匀,吸取 0.75 mL 泥浆使用土壤 DNA 提取试剂盒(FastDNA® SPIN, MP Biomedicals 公司)提取土样总 DNA。提取后的核酸用无菌去离子水溶解,于-20 °C 保存,备用。

1.4 16S rDNA 的 real-time PCR

分别采用 COM1/COM2^[17]、GEO494F/ GEO825R^[18]和 FAc12-66f /FAc12-432r^[19]引物进行真细菌、地杆菌科细菌和粘液球菌科下厌氧粘细菌属细菌 16S rDNA 的定量 PCR 测定。实时定量 PCR 使用 ABsolute™ QPCR SYBR® Green Mix 试剂盒,在 Rotor Gene 3000 定量 PCR 仪上进行。反应体系为:SYBR Green 2×Buffer 5 μL,引物 Geo494F 和 Geo825R 各 0.07 μL(10 pmol/μL),BSA 0.14 μL(20 mg/mL),总 DNA 模板 1 μL,ddH₂O 补足 10 μL,设置 4 个重复。反应条件为 94 °C 预变性 15 min,94 °C 变性 30 s,使用降落 PCR 技术 65 °C 退火 30 s,10 个循环,每个循环退火温度降低 1 °C,72 °C 延伸 30 s,总反应 35—40 个循环,再在 72 °C 延伸 7 min,融解温度为 72—99 °C。数据处理使用定量 PCR 仪配套软件 version 6.0.23 进行。用细菌通用引物 27F 和 1492R 扩增 *Geobacter surfularreducens* 的 16S rDNA,并与 T-easy 载体连接,转化到 JM109 感受态细胞,筛选阳性克隆子进行质粒提取,测定质粒浓度并计算质粒拷贝数(μL⁻¹)^[20],以 10 倍梯度稀释后的质粒为模板,构建标准曲线。

1.5 数据处理

用 CurveExpert 1.3 软件对铁还原数据进行拟合分析,采用 SPSS 16.0 统计软件进行方差分析(ANOVA)和基于欧氏距离的土壤聚类分析,Origin 8.0 用于数据处理与做图。

2 结果与分析

2.1 不同水稻土中 Fe(Ⅲ) 还原特征

厌氧培养过程中不同水稻土的 Fe(Ⅱ) 浓度变化如图 1 所示。总体上看, JL 和 TJ 水稻土样品中产生的 Fe(Ⅱ) 较多, 而广西水稻土的 Fe(Ⅱ) 较少。不同土样中 Fe(Ⅱ) 浓度的快速增长期都在 7 d 以前。厌氧培养的 7—17 d 之间, SC、ZJ 和 GX 水稻土的 Fe(Ⅲ) 还原过程基本达到稳定状态, 而 JL 和 TJ 水稻土中 Fe(Ⅱ) 浓度依然处于缓慢增加的趋势。采用 Logistic 模型对不同水稻土的铁还原过程进行拟合, 获得的铁还原特征参数见表 2。

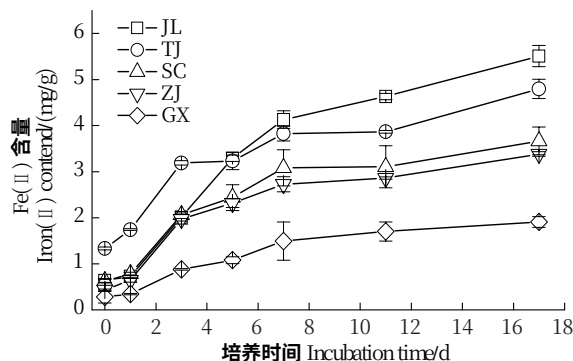


图 1 水稻土淹水培养过程中 Fe(Ⅱ) 含量变化

Fig. 1 Fe(Ⅱ) content in flooding paddy soils during incubation

从表 2 看出, Fe(Ⅲ) 最大还原潜势 (a) 在不同稻作区的样品之间差异显著, 位于东北早熟单季稻稻作区的 JL 样品中最高, 其次为位于华北单季稻稻作区的 TJ 土样, 随后是同处华中双季稻稻作区的 SC 和 ZJ 土样, 而华南双季稻稻作区的 GX 样品中 a 值最低。总体上表现出由北向南 a 值逐渐减小的变化趋势。与 a 类似, JL 水稻土中最大反应速率 ($V_{\max}$) 最高, 数值为 $0.632 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$; GX 水稻土中 $V_{\max}$ 最低, 为 $0.197 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$, TJ、SC 和 ZJ 水稻土中 $V_{\max}$ 值较为相近, 在 0.424 到 $0.468 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 之间。从最大反应速率对应的时间 ($T_{V_{\max}}$) 比较, TJ、SC 和 ZJ 水稻土中数值接近 ($1.77 - 2.79 \text{ d}$), 而 JL 与 GX 水稻土的 $T_{V_{\max}}$ 相似。Fe(Ⅲ) 还原特征参数的差异一方面反映出土壤中能够被微生物还原的氧化铁数量、Fe(Ⅲ) 还原微生物丰度和性质的不同, 另一方面也与气候及土壤耕作状况有关。东北早熟单季稻作区土壤大多时间处于温度较低的环境, 微生物活动性相对较弱, 土壤中氧化铁形态变化较南方高温、高湿度环境下缓慢, 而华南双季稻作区土壤中氧化铁主要以晶体态(如赤铁矿)存在, 无定形氧化铁数量显著降低, 所以导致不同土壤中 Fe(Ⅲ) 最大还原潜势和 $V_{\max}$ 产生明显区别。

表 2 不同淹水水稻土中的 Fe(Ⅲ) 还原反应的 Logistic 模型动力学参数

Table 2 The kinetics parameters of Fe(Ⅲ) reduction in different flooding paddy soils

土样 Soil sample	动力学模型参数 Parameters of Logistic model			$V_{\max}$ / $(\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1})$	$T_{V_{\max}}$ /d
	$a/(\text{mg/g})$	b	c		
JL	$5.181 \pm 0.070\text{A}$	$7.301 \pm 0.739\text{A}$	$0.488 \pm 0.060\text{A}$	$0.632 \pm 0.079\text{a}$	$4.074 \pm 0.308\text{A}$
TJ	$4.399 \pm 0.174\text{B}$	$1.978 \pm 0.308\text{D}$	$0.386 \pm 0.133\text{A}$	$0.424 \pm 0.130\text{b}$	$1.767 \pm 0.252\text{C}$
SC	$3.404 \pm 0.097\text{C}$	$4.350 \pm 0.193\text{C}$	$0.526 \pm 0.046\text{A}$	$0.448 \pm 0.025\text{b}$	$2.792 \pm 0.153\text{B}$
ZJ	$3.065 \pm 0.120\text{C}$	$5.178 \pm 0.821\text{B}$	$0.610 \pm 0.102\text{A}$	$0.468 \pm 0.066\text{b}$	$2.694 \pm 0.255\text{B}$
GX	$1.859 \pm 0.018\text{D}$	$5.219 \pm 1.117\text{B}$	$0.425 \pm 0.045\text{A}$	$0.197 \pm 0.023\text{c}$	$3.891 \pm 0.257\text{A}$

所有参数的测定值表示为“均值±标准差值”;不同大写字母表示不同土样同一参数差异极显著 ($P < 0.01$);不同小写字母表示不同土样同一参数差异显著 ($P < 0.05$)

2.2 淹水初期不同水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌的丰度变化

针对 Noll 提出的水稻土细菌群落结构在淹水 1 h 到 2 d 内变化最大的观点^[13], 本研究首先探讨了不同水稻土淹水 12 h 后细菌、地杆菌和厌氧粘细菌的拷贝数变化(表 3)。整体上地杆菌的拷贝数大于厌氧粘细菌, 但在 GX 样品中二者拷贝数可达到相同数量级。采用地杆菌和厌氧粘细菌拷贝数占细菌的比例来表示其相应的丰度变化, 分别以 G/B 和 A/B 表示。淹水 12 h 后 JL 和 TJ 样品中的地杆菌丰度较之 0 h 处理分别增加

了 394% 和 26%, 而 SC、ZJ 和 GX 样品中其丰度分别为 0 h 处理的 8.75%、7.10% 和 12.50%, 表现出明显的降低趋势; 厌氧粘细菌丰度变化特征与地杆菌相似, JL 和 TJ 样品在淹水培育 12 h 后丰度增加了 321% 和 41%, 而 SC、ZJ 和 GX 土样中的丰度有所降低, 分别为 0 h 处理的 10.89%、11.10% 和 11.61%。G/B 和 A/B, 降低的原因与细菌拷贝数的迅速增大有关。

表 3 淹水初期不同水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌丰度变化

Table 3 Abundance variations of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. at initial stage of flooding incubation

土样 Soil sample	淹水时间 Flooding time /h	16S rDNA 拷贝数 Copies of 16S rDNA/g 干土				
		地杆菌 $\times 10^7$ <i>Geobacteraceae</i>	厌氧粘细菌 $\times 10^6$ <i>Anaeromyxobacter</i>	细菌 $\times 10^9$ <i>Bacteria</i>	G/B	A/B
JL	0	1.42 $\pm$ 0.160A	4.99 $\pm$ 0.414A	4.45 $\pm$ 0.562A	3.18 $\times 10^{-3}$	1.12 $\times 10^{-3}$
	12	1.47 $\pm$ 0.078A	4.40 $\pm$ 0.209A	0.932 $\pm$ 0.078B	1.57 $\times 10^{-2}$	4.72 $\times 10^{-3}$
TJ	0	3.39 $\pm$ 0.567A	2.03 $\pm$ 0.529A	2.17 $\pm$ 0.046A	1.56 $\times 10^{-2}$	9.35 $\times 10^{-4}$
	12	8.33 $\pm$ 0.443B	5.58 $\pm$ 0.074B	4.22 $\pm$ 0.213B	1.97 $\times 10^{-2}$	1.32 $\times 10^{-3}$
SC	0	2.62 $\pm$ 0.090A	2.02 $\pm$ 0.176A	2.05 $\pm$ 0.105A	1.28 $\times 10^{-2}$	9.83 $\times 10^{-4}$
	12	2.05 $\pm$ 0.154B	1.97 $\pm$ 0.053A	18.4 $\pm$ 1.130B	1.12 $\times 10^{-3}$	1.07 $\times 10^{-4}$
ZJ	0	2.63 $\pm$ 0.159A	2.26 $\pm$ 0.257A	1.07 $\pm$ 0.061A	2.45 $\times 10^{-2}$	2.10 $\times 10^{-3}$
	12	4.18 $\pm$ 0.414B	5.58 $\pm$ 0.202B	24.0 $\pm$ 1.180B	1.74 $\times 10^{-3}$	2.33 $\times 10^{-4}$
GX	0	1.55 $\pm$ 0.087A	11.9 $\pm$ 1.380A	1.34 $\pm$ 0.105A	1.16 $\times 10^{-2}$	8.87 $\times 10^{-3}$
	12	1.69 $\pm$ 0.124A	12.0 $\pm$ 1.130A	11.7 $\pm$ 0.461B	1.45 $\times 10^{-3}$	1.03 $\times 10^{-3}$

不同大写字母表示相同土样同一菌群不同培养时期拷贝数间差异极显著 ($P < 0.01$)

淹水 0 h 和 12 h 后水稻土中细菌、地杆菌和厌氧粘细菌拷贝数的差异可作为其对淹水响应敏感性的表征。由表 3 中不同淹水时间处理间的差异显著性可见, JL 土样中地杆菌和厌氧粘细菌对初期淹水过程不敏感, 其细菌的拷贝数还有明显的降低; TJ 和 ZJ 样品中细菌、地杆菌和厌氧粘细菌均对淹水敏感; SC 样品中地杆菌和细菌对淹水均敏感; 在 GX 样品中, 只有细菌对淹水敏感。随着淹水过程进行, 厌氧及兼性厌氧的细菌逐渐加速繁殖, 可导致细菌拷贝数的显著增加。有报道认为厌氧粘细菌属于兼性厌氧细菌^[21], 所以在初期淹水时其拷贝数显著增加是合理的。然而, 在 TJ 和 ZJ 样品中地杆菌对初期淹水具有敏感性则值得注意, 因为通常认为地杆菌是在绝对厌氧环境中生长。尽管采用通氮气的方法去除了反应容器气相中的氧, 但水相中的溶解氧消耗仍然需要一定的时间。在短暂的 12 h 淹水中, 地杆菌拷贝数的明显增大是否反映出 TJ 和 ZJ 样品中地杆菌群落变化的特殊性, 有待深入研究。

2.3 短期淹水培养过程中地杆菌和厌氧粘细菌丰度变化

针对淹水培养过程中不同水稻土微生物群落具有不同 Fe (Ⅲ) 还原特征^[15]以及细菌群落发生演替的特点^[13], 本研究进一步探讨了不同水稻土淹水 1—17 d 后细菌、地杆菌和厌氧粘细菌的拷贝数变化 (如表 4 所示)。在淹水培养 1 d 至 11 d 期间, JL 样品中地杆菌和厌氧粘细菌拷贝数均随淹水时间呈现显著增加趋势。其中 1 d 到 5 d 之间的增加速率大 (15.53 和 4.71 倍), 而 5 d 到 11 d 之间增长速率有所降低 (1.42 和 4.11 倍)。淹水 17 d 时, 地杆菌和厌氧粘细菌拷贝数均显著下降。表明淹水时间对地杆菌和厌氧粘细菌的拷贝数具有影响。SC 样品中地杆菌拷贝数在 17 d 的淹水过程中持续显著增加, 其中 1 d 到 5 d 增速最快 (7.53 倍), 5 d 到 17 d 的增幅缓慢, 仅增加了 0.98 倍。厌氧粘细菌的拷贝数在 1 d 到 5 d 增速较慢 (3.89 倍), 5 d 到 11 d 增速加快 (6.93 倍), 而 17 d 时则显著下降。

细菌的拷贝数变化在 2 种土壤中有差别。在 JL 样品中, 表现为 1—11 d 拷贝数增加, 并且 17 d 时基本稳定在 11 d 的水平。在 SC 土样中, 淹水 1 d 时的细菌拷贝数就已经达到较高的数值, 而在随后的淹水培养中则处于波动变化, 其原因可能与土壤中细菌群落演替过程的差异有关。

从淹水过程中的丰度变化比较, JL 水稻土中地杆菌在淹水 5 d 时达到最高, 地杆菌可占到细菌的

38.30%,在不同淹水时段中增幅最大,并且与其最大铁还原速率对应的时间 $T_{V_{max}}$ (4.07 d)比较一致;之后的淹水培养中,地杆菌丰度持续下降,到17 d时仅为4.06%;SC水稻土中地杆菌丰度持续缓慢增长,至17 d时达到3.95%。由此可见,两种水稻土中地杆菌的丰度存在着较大的差异。两种水稻土中,厌氧粘细菌丰度均在11 d时达到峰值,分别为 1.02×10^{-5} 和 3.69×10^{-6} ,17 d时分别下降到 4.28×10^{-7} 和 3.87×10^{-7} 。总体上看,两种水稻土中地杆菌丰度明显高于厌氧粘细菌,表明地杆菌对水稻土中铁还原的贡献大于厌氧粘细菌。

表4 短期淹水培养过程中地杆菌和厌氧粘细菌丰度变化

Table 4 Abundance variations of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. during short-term flooding incubation

土样 Soil	淹水处理 Flooding time / d	16S rDNA 拷贝数 Copies of 16S rDNA /g 干土				
		地杆菌 $\times 10^9$ <i>Geobacter</i>	厌氧粘细菌 $\times 10^6$ <i>Anaeromyxobacter</i>	细菌 $\times 10^{11}$ <i>Bacteria</i>	G/B	A/B
JL	1	21.9 $\pm$ 2.5D	1.42 $\pm$ 0.113C	4.90 $\pm$ 0.48C	4.46 $\times 10^{-2}$	2.89 $\times 10^{-6}$
	5	340.0 $\pm$ 33.9B	6.69 $\pm$ 1.032B	8.87 $\pm$ 1.88B	3.83 $\times 10^{-1}$	7.54 $\times 10^{-6}$
	11	482.0 $\pm$ 51.9A	27.50 $\pm$ 3.590A	27.00 $\pm$ 1.19A	1.79 $\times 10^{-1}$	1.02 $\times 10^{-5}$
	17	106.0 $\pm$ 3.4C	1.12 $\pm$ 0.114C	26.10 $\pm$ 1.93A	4.06 $\times 10^{-2}$	4.28 $\times 10^{-7}$
SC	1	5.8 $\pm$ 0.4D	0.62 $\pm$ 0.032C	37.20 $\pm$ 3.14B	1.55 $\times 10^{-3}$	1.67 $\times 10^{-7}$
	5	43.7 $\pm$ 7.8C	2.41 $\pm$ 0.256B	33.50 $\pm$ 2.72B	1.30 $\times 10^{-2}$	7.19 $\times 10^{-7}$
	11	56.4 $\pm$ 3.7B	16.70 $\pm$ 1.330A	45.40 $\pm$ 3.24A	1.24 $\times 10^{-2}$	3.69 $\times 10^{-6}$
	17	86.6 $\pm$ 9.2A	0.85 $\pm$ 0.145C	21.90 $\pm$ 1.86C	3.95 $\times 10^{-2}$	3.87 $\times 10^{-7}$

2.4 短期淹水培养过程中硫酸盐含量变化

短期淹水培养过程中JL和SC水稻土中硫酸盐浓度变化如图2所示。从图2可以看出,JL样品中在淹水1 d至5 d的硫酸盐浓度变化不大,5 d到11 d迅速下降,17 d时硫酸盐基本上被还原;SC样品中在1—3 d硫酸盐浓度变化不明显,而3—11 d被迅速消耗,11—17 d维持在极低的浓度水平。将硫酸盐浓度变化与Fe(Ⅱ)浓度变化过程(图1)比较发现,硫酸盐的还原过程发生在土壤中Fe(Ⅲ)迅速还原之后,即当Fe(Ⅱ)浓度迅速积累时,硫酸盐浓度变化缓慢,而当Fe(Ⅲ)还原速率减小时,硫酸盐浓度表现出迅速下降的趋势,这表现出一种电子受体之间的接替,硫酸盐有可能作为地杆菌和厌氧粘细菌的电子受体支持其5 d到11 d的继续生长。对于17 d时JL和SC样品中厌氧粘细菌拷贝数的下降和JL土样中地杆菌拷贝数的下降也许与11 d至17 d之间表现出的硫酸盐耗竭现象有关。

2.5 不同水稻土处理间的聚类分析

图3和图4分别表示采用最大Fe(Ⅲ)还原潜势(a)、Fe(Ⅲ)最大还原速率(V_{max})和Fe(Ⅲ)最大还原速率对应的时间($T_{V_{max}}$)作为参数以及地杆菌和厌氧粘细菌在淹水0 h和12 h的丰度为参数的欧氏距离图。

总体上看,针对不同水稻土的两类参数聚类分析结果完全吻合,显示淹水培养初期不同水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌的丰度可以反映其Fe(Ⅲ)还原能力的差异,一定程度上说明典型铁还原菌对水稻土Fe(Ⅲ)还原能力所起的作用。SC和ZJ水稻土在类型上最为相似,TJ水稻土在聚类上最接近SC和ZJ水稻土,继而与JL水稻土聚为一簇,GX水稻土与其余土样构成的集群有明显区别。从聚类结果还可看出,位于相似纬度和植稻区的土壤样品可能存在相近的铁还原特征。

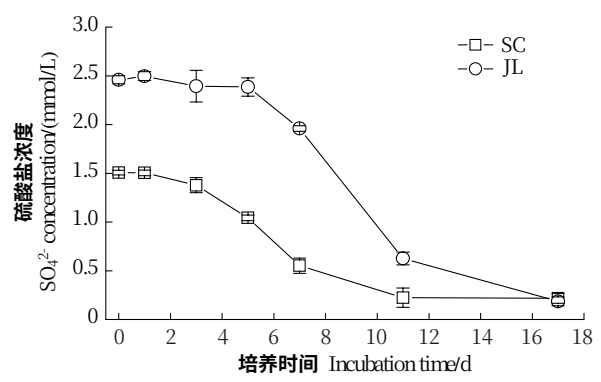


图2 短期淹水培养过程中硫酸盐的浓度变化

Fig. 2 Sulfate concentration variations in slurry during short-term incubation

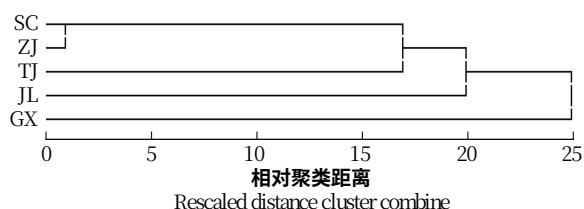


图3 不同水稻土基于地杆菌和厌氧粘细菌丰度的聚类

Fig. 3 Hierarchical clustering of 5 paddy soils by abundance of *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp.

JL、SC、ZJ、GX 和 TJ 分别表示采集自吉林省、四川省、浙江省、广西省和天津市的水稻土

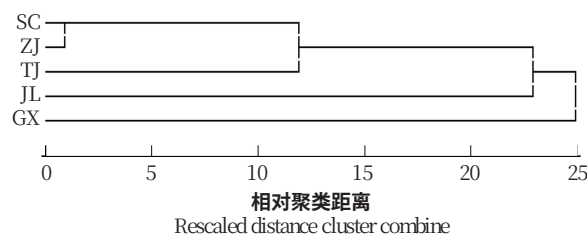


图4 不同水稻土基于Fe(Ⅲ)还原能力的聚类

Fig. 4 Hierarchical clustering of 5 paddy soils by Fe(Ⅲ) reduction potential

3 讨论

3.1 不同水稻土中Fe(Ⅲ)还原能力的差异

淹水培养试验中,不同土样的Fe(Ⅲ)最大还原潜势按稻作区从北向南,从单季种植到双季种植逐渐降低。JL样品中无定形铁含量最高,为4.94 g/kg,广西土样中该值最低,为1.92 g/kg,分别对应二者所呈现的最高和最低Fe(Ⅲ)最大还原潜势,说明土壤中可被微生物还原的氧化铁的量与其Fe(Ⅲ)的最大还原量密切相关。有研究指出^[22],淹水28—91 d期间,在1.5—16.5 cm的土层中二价铁矿物如菱铁矿和四方硫铁矿大量形成。所以,长时间淹水过程不仅可导致土壤中Fe²⁺浓度减少,还将制约着水稻土中作为电子供体的三价铁的总量,从而降低了再次淹水时Fe(Ⅱ)的积累。结合双季稻稻作区总体淹水时间比单季稻稻作区长的实际情况,可以解释为什么来源于后者的土样具有较高的Fe(Ⅲ)最大还原潜势。从土壤类型来看,JL和TJ土样属于筒育水耕人为土,其特点是铁淋溶淀积不强烈,种稻频率不高,推测可还原铁含量较高,所以最大铁还原潜势相应较大。GX水稻土属于铁聚水耕人为土,由于明显的还原淋溶和氧化沉积作用,铁在水耕氧化还原层的聚集以晶体态铁为主,故GX样品的最大Fe(Ⅲ)还原潜势在所有样品中最低。

3.2 16S rDNA 拷贝数与群落演替

淹水对于水稻土来说是一种土体扰动,会对土壤微生物种群丰度产生巨大影响,且这种影响因土壤性质不同而有较明显的差异^[23]。细菌细胞内核糖体的合成速率和数量变化可以反应其对外界环境变化的响应及生长状况^[24],故通过核糖体16S rDNA拷贝数的测定可以较为准确的描述不同环境中微生物种群丰度的大小和活跃程度。淹水初期不同土壤中细菌拷贝数的变化存在显著差异,原因是淹水48 h内细菌群落演替明显^[13],而不同种属的细菌个体所具有的16S rDNA拷贝数为1—12个^[25],当高拷贝数菌群取代低拷贝数菌群成为优势种群时,对应检测到的总细菌拷贝数自然上升,反之表现为数值下降。有报道^[26]指出,较之低纬度区域,高纬度东北黑土微生物在最低培养温度(4℃)时的呼吸速率、可利用碳源数和生物多样性指数更高,说明土壤微生物在接近来源地温度培养下可获得较好的生长。本试验的培养温度为25℃,高于吉林省平均气温,温度胁迫导致菌群的演替,适应较高温度的菌种发展为优势种群,且有可能为低拷贝数种群,所以JL水稻土中细菌总拷贝数有所下降。梭菌属(*Clostridium*)和芽孢杆菌(*Bacillus*)个体所含16S rDNA拷贝数分别为9—10个和10—12个^[27-28],属于高拷贝数种群,且二者均可在淹水条件下通过发酵代谢进行异化铁还原^[29]。在SC、ZJ和GX土样中,由于淹水后土壤性质可能适合梭菌属和芽孢杆菌的迅速增殖,所以短时间内细菌总拷贝数上升很快。但Graff等^[30]在河岸风干土淹水培养实验中发现,未淹水土样的16S rDNA文库中芽孢杆菌所占比例最高,说明也存在淹水后芽孢杆菌种群减少的现象,这也许是JL水稻土中总细菌拷贝数的下降的原因之一。在已知全序列的地杆菌和厌氧粘细菌中,16S rDNA拷贝数平均值分别为2.4和2^[31],在总拷贝数已知时,经计算可以较为准确的反应这类地杆菌和厌氧粘细菌的实际细胞数,这一点通过比较传统细胞计数和基于拷贝数计数的结果可以证实^[32]。但另一方面,由于还有全基因序列未知的地杆菌和厌氧粘细菌存在,这

些菌种个体所含的 16S rDNA 拷贝数是不确定的,所以由于环境变化引起的地杆菌或厌氧粘细菌群落的演替还是会造成各自总拷贝数的变化,具体表现为 17 d 淹水培养的 JL 和 SC 水稻土中地杆菌拷贝数的变化趋势不同。总之,水稻土性质决定淹水后菌群演替的不同,表现为不同水稻土细菌、地杆菌和厌氧粘细菌 16S rDNA 拷贝数变化的差异。

3.3 水稻土 pH 与地杆菌和厌氧粘细菌对淹水的敏感性

不同水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌拷贝数对淹水 12 h 表现出不同的敏感性,而 pH 值也是水稻土淹水后快速变化的指标。本试验中发现,pH 值分别为 4.92 和 5.10 的 JL 和 GX 水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌对淹水不敏感,而在 pH 值为 6.11 和 7.85 的 ZJ 和 TJ 水稻土中,地杆菌和厌氧粘细菌均高度敏感。这一现象是一种巧合还是反映土壤 pH 值与地杆菌和厌氧粘细菌对淹水的敏感性之间的内在联系,需要进一步探讨。纯培养试验证实^[33, 5],地杆菌和厌氧粘细菌的最适生长 pH 值分别为 6.7—7.0 和 7.0。综合推断,在 pH 值先达到中性环境的水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌生长迅速,即表现为对淹水响应敏感。本试验采用的 SC 水稻土为石灰性土壤,淹水后其地杆菌拷贝数显著下降,而厌氧粘细菌则变化不大,表现出特殊性,原因还有待研究。

3.4 不同水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌丰度变化与 Fe (Ⅲ) 还原的关系

淹水 1 d 内地杆菌拷贝数变化不大,厌氧粘细菌持续下降,期间 Fe (Ⅱ) 快速积累,但地杆菌和厌氧粘细菌的丰度最高仅为 0.04,推测二者对淹水初期 Fe (Ⅲ) 还原贡献不大,有可能是其他 Fe (Ⅲ) 还原机制在起作用,如 Lehours 等^[34]报道的 *Clostridium saccharobutylicum* 可在厌氧环境中通过发酵产氢还原 Fe (Ⅲ)。1—5 d 期间,Fe (Ⅲ) 还原速率最快,同时 JL 和 SC 水稻土中地杆菌拷贝数分别增加 14.5 倍和 6.5 倍,由此推测 1—5 d 期间地杆菌和厌氧粘细菌通过 Fe (Ⅲ) 还原维持增长,且地杆菌表现出更强的相关性,因其在两种土壤中丰度峰值均高于厌氧粘细菌 4 个数量级,5 d 时 JL 中地杆菌更是占到细菌的 38.3%。有报道^[35]证实, *Geobacter sulfurreducens* 可以通过直接接触和电子传递体两种机制来还原水铁矿,而 *Geobacter lovleyi* sp. 可以通过鞭毛增加移动性^[36],这些生理特性令地杆菌在此阶段快速竞争电子供体并大量增殖。5—11 d 时 JL 和 SC 样品中地杆菌拷贝数分别增加 42% 和 29%,厌氧粘细菌拷贝数增加到 4.1 倍和 6.9 倍,而此时 Fe (Ⅲ) 还原的速率放缓,硫酸盐的还原增加,推测地杆菌和厌氧粘细菌中可能存在可以还原硫酸盐的菌种。在细胞培养水平上,没有研究显示地杆菌或厌氧粘细菌能够利用硫酸盐作为电子受体,但不能排除其在自然环境中存在的可能性。例如 *Geobacter Bemidjiensis* 就存在编码和硫酸盐还原菌相同代谢酶的基因^[37]。与此同时,某些硫酸盐还原菌在系统发育上和地杆菌非常近似,序列相似度高^[38-39],在 PCR 扩增时可能被计入拷贝数,导致地杆菌拷贝数的增加。再者,地杆菌和厌氧粘细菌可以部分还原生物利用度低的结晶态氧化铁^[10],纯菌培养试验还证实了厌氧粘细菌可以广泛利用有机卤化物、硝酸盐、延胡索酸盐、硫代硫酸盐等作为电子受体^[40],说明在可溶性和无定形氧化铁匮乏的条件下,地杆菌和厌氧粘细菌还可以利用其他电子受体维持生长,且本研究结果显示此时厌氧粘细菌生长好于地杆菌。与 JL 样品不同,SC 样品中的地杆菌丰度最高仅为 3.95%,厌氧粘细菌更低,暗示 SC 水稻土中 Fe (Ⅲ) 还原的主要参与者应是地杆菌和厌氧粘细菌外的其他种群,推测可能是梭菌属或芽孢杆菌,它们均可在发酵过程中利用 3 价铁作为补充电子受体^[34, 41],加之二者都是高拷贝数种群,作为优势群体时恰好符合 SC 水稻土中的细菌拷贝数整体上高于 JL 水稻土的现象。可以推测,不同类型水稻土中 Fe (Ⅲ) 还原菌群构成存在差异,从而决定了 Fe (Ⅲ) 还原机制的不同。

本试验所用土样为天然水稻土风干土,淹水培养期间未添加任何外源碳源和电子受体,故可以真实的反映自然环境中地杆菌和厌氧粘细菌在淹水土壤中的生长状态和其与 Fe (Ⅲ) 还原的关系。研究显示水稻土的 Fe (Ⅲ) 还原能力和土壤类型、性质、稻作区分布及其中地杆菌丰度密切相关。下一步工作在于不同水稻土中 Fe (Ⅲ) 还原菌的分离和鉴定,以期阐明这些因素影响 Fe (Ⅲ) 还原的机制。

References:

- [1] Cardenas E, Wu W M, Leigh M B, Carley J, Carroll S, Gentry T, Luo J, Watson D, Gu B H, Ginder-Vogel M, Kitanidis P K, Jardine P M, Zhou J Z, Criddle C S, Marsh T L, Tiedje J M. Microbial communities in contaminated sediments, associated with bioremediation of uranium to

- submicromolar levels. *Applied and Environmental Microbiology*, 2008, 74(12): 3718-3729.
- [2] Holmes D E, O'Neil R A, Vronis H A, N'Guessan L A, Ortiz-Bernad I, Larrahondo M J, Adams L A, Ward J A, Nicoll J S, Nevin K P, Chavan M A, Johnson J P, Long P E, Lovley D R. Subsurface clade of *Geobacteraceae* that predominates in a diversity of Fe (III)-reducing subsurface environments. *The ISME Journal*, 2007, 1(8): 663-677.
- [3] Chao T C, Kalinowski J, Nyalwidhe J, Hansmeier N. Comprehensive proteome profiling of the Fe (III)-reducing myxobacterium *Anaeromyxobacter dehalogenans* 2cp-c during growth with fumarate and ferric citrate. *Proteomics*, 2010, 10(8): 1673-1684.
- [4] Prakash O, Gihring T M, Dalton D D, Chin K J, Green S J, Akob D M, Wanger G, Kostka J E. *Geobacter daltonii* sp. nov., an Fe (III)- and uranium(VI)-reducing bacterium isolated from a shallow subsurface exposed to mixed heavy metal and hydrocarbon contamination. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2010, 60(3): 546-553.
- [5] Thomas S H, Sanford R A, Amos B K, Leigh M B, Cardenas E, Löffler F E. Unique ecophysiology among U (VI)-reducing bacteria as revealed by evaluation of oxygen metabolism in *Anaeromyxobacter dehalogenans* strain 2cp-c. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(1): 176-183.
- [6] Wei J C, Liang P, Cao X X, Huang X. A new insight into potential regulation on growth and power generation of *Geobacter sulfurreducens* in microbial fuel cells based on energy viewpoint. *Environmental Science and Technology*, 2010, 44(8): 3187-3191.
- [7] Bond D R, Lovley D R. Electricity production by *Geobacter sulfurreducens* attached to electrodes. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(3): 1548-1555.
- [8] Qu D, Ratering S, Schnell S. Microbial reduction of weakly crystalline iron (III) oxides and suppression of methanogenesis in paddy soil. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 2004, 72(6): 1172-1181.
- [9] van der Gon H A C, Kropff M J, van Breemen N, Wassmann R, Lantin R S, Aduna E, Corton T M, van Laar H H. Optimizing grain yields reduces CH₄ emissions from rice paddy fields. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2002, 99(19): 12021-12024.
- [10] Hori T, Müller A, Igarashi Y, Conrad R, Friedrich M W. Identification of iron-reducing microorganisms in anoxic rice paddy soil by ¹³C-acetate probing. *The ISME Journal*, 2010, 4(2): 267-278.
- [11] Chen X, Zhang L M, Shen J P, Xu Z H, He J Z. Soil type determines the abundance and community structure of ammonia-oxidizing bacteria and archaea in flooded paddy soils. *Journal of Soils and Sediments*, 2010, 10(8): 1510-1516.
- [12] Nie J, Yang Z P, Zheng S X, Liao Y L, Xie J, Xiang Y W. Effects of long-term fertilization on reddish paddy soil quality and its evaluation in a typical double-rice cropping region of China. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(6): 1453-1460.
- [13] Noll M, Matthies D, Frenzel P, Derakshani M, Liesack W. Succession of bacterial community structure and diversity in a paddy soil oxygen gradient. *Environmental Microbiology*, 2005, 7(3): 382-395.
- [14] Zhou L S. *The Theory and Practice of Agricultural Division in China*. Hefei: University of Science and Technology of China Press, 1993.
- [15] Yi W J, Qu D, Wang Q. Effects of carbon source and flooding time on microbial Fe (III) reduction in paddy soils. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(12): 3133-3140.
- [16] Schnell S, Ratering S, Jansen K H. Simultaneous determination of iron(III), iron(II), and manganese(II) in environmental samples by ion chromatography. *Environmental Science and Technology*, 1998, 32(10): 1530-1537.
- [17] Schwieger F, Tebbe C C. A new approach to utilize pcr-single-strand-conformation polymorphism for 16s rRNA gene-based microbial community analysis. *Applied and Environmental Microbiology*, 1998, 64(12): 4870-4876.
- [18] Holmes D E, Finneran K T, O'Neil R A, Lovley D R. Enrichment of members of the family *Geobacteraceae* associated with stimulation of dissimilatory metal reduction in uranium-contaminated aquifer sediments. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(5): 2300-2306.
- [19] Treude N, Rosencrantz D, Liesack W, Schnell S. Strain fac12, a dissimilatory iron-reducing member of the *Anaeromyxobacter* subgroup of *Myxococcales*. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 44(2): 261-269.
- [20] Kolb S, Knief C, Stubner S, Conrad R. Quantitative detection of methanotrophs in soil by novel *pmoA*-targeted real-time PCR assays. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(5): 2423-2429.
- [21] Sanford R A, Cole J R, Tiedje J M. Characterization and description of *Anaeromyxobacter dehalogenans* gen. nov., sp. nov., an aryl-halo-respiring facultative anaerobic Myxobacterium. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(2): 893-900.
- [22] Burton E D, Bush R T, Sullivan L A, Johnston S G, Hocking R K. Mobility of arsenic and selected metals during re-flooding of iron- and organic-rich acid-sulfate soil. *Chemical Geology*, 2008, 253(1/2): 64-73.
- [23] Unger I M, Kennedy A C, Muzika R M. Flooding effects on soil microbial communities. *Applied Soil Ecology*, 2009, 42(1): 1-8.
- [24] Klappenbach J A, Dunbar J M, Schmidt T M. rRNA operon copy number reflects ecological strategies of bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(4): 1328-1333.

- [25] Fogel G B, Collins C R, Li J, Brunk C F. Prokaryotic genome size and ssu rDNA copy number: estimation of microbial relative abundance from a mixed population. *Microbial Ecology*, 1999, 38(2): 93-113.
- [26] Mi L, Wang G H, Jin J, Liu J D, Liu X B. Responses of black soil's microbial respiration and community functional diversity to temperature. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(6): 1485-1491.
- [27] Canard B, Cole S T. Genome organization of the anaerobic pathogen *Clostridium perfringens*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1989, 86(17): 6676-6680.
- [28] Holloway B W, Morgan A F. Genome organization in *Pseudomonas*. *Annual Review of Microbiology*, 1986, 40(1): 79-105.
- [29] Lovley D R. Dissimilatory metal reduction. *Annual Review of Microbiology*, 1993, 47(6): 263-290.
- [30] Graff A, Conrad R. Impact of flooding on soil bacterial communities associated with poplar (*Populus* sp.) trees. *FEMS Microbiology Ecology*, 2005, 53(3): 401-415.
- [31] Lee Z M P, Bussema C III, Schmidt T M. *rrnDB*: documenting the number of rRNA and tRNA genes in bacteria and archaea. *Nucleic Acids Research*, 2009, 37(S1): D489-D493.
- [32] Thomas S H, Padilla-Crespo E, Jardine P M, Sanford R A, Löffler F E. Diversity and distribution of *anaeromyxobacter* strains in a uranium-contaminated subsurface environment with nonuniform flow. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(11): 3679-3687.
- [33] Lovley D R, Phillips E J P. Novel mode of microbial energy metabolism: organic carbon oxidation coupled to dissimilatory reduction of iron or manganese. *Applied and Environmental Microbiology*, 1988, 54(6): 1472-1480.
- [34] Lehours A C, Rabiet M, Morel-Desrosiers N, Morel J P, Jouve L, Arbeille B, Mailhot G, Fonty G. Ferric iron reduction by fermentative strain BS2 isolated from an iron-rich anoxic environment (Lake Pavin, France). *Geomicrobiology Journal*, 2010, 27(8): 714-722.
- [35] Macdonald L H, Moon H S, Jaffé P R. The role of biomass, electron shuttles, and ferrous iron in the kinetics of *Geobacter sulfurreducens*-mediated ferrihydrite reduction. *Water Research*, 2010, 45(3): 1049-1062.
- [36] Sung Y, Fletcher K E, Ritalahti K M, Apkarian R P, Ramos-Hernández N, Sanford R A, Mesbah N M, Löffler F E. *Geobacter lovleyi* sp. Nov. strain SZ, a novel metal-reducing and tetrachloroethene-dechlorinating bacterium. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(4): 2775-2782.
- [37] Aklujkar M, Young N D, Holmes D, Chavan M, Risso C, Kiss H E, Han C S, Land M L, Lovley D R. The genome of *Geobacter bemidjensis*, exemplar for the subsurface clade of *Geobacter* species that predominate in Fe(III)-reducing subsurface environments. *BMC Genomics*, 2010, 11: 490-490.
- [38] Roden E E, Lovley D R. Dissimilatory Fe(III) reduction by the marine microorganism *Desulfuromonas acetoxidans*. *Applied and Environmental Microbiology*, 1993, 59(3): 734-742.
- [39] Caccavo F, Lonergan D J, Lovley D R, Davis M, Stolz J F, McInerney M J. *Geobacter sulfurreducens* sp. Nov., a hydrogen- and acetate-oxidizing dissimilatory metal-reducing microorganism. *Applied and Environmental Microbiology*, 1994, 60(10): 3752-3759.
- [40] Sanford R A, Cole J R, Tiedje J M. Characterization and description of *Anaeromyxobacter dehalogenans* gen. Nov., sp. Nov., an aryl-halorespiring facultative anaerobic *myxobacterium*. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(2): 893-900.
- [41] Berthelin J, Ona-Nguema G, Stemmler S, Quantin C, Abdelmoula M, Jorand F. Bioreduction of ferric species and biogenesis of green rusts in soils. *Comptes Rendus Geoscience*, 2006, 338(6/7): 447-455.

参考文献:

- [14] 周立三. 中国农业区划的理论与实践. 合肥: 中国科学技术大学出版社, 1993.
- [15] 易维洁, 曲东, 王庆. 碳源和淹水时间对水稻土微生物 Fe(III) 还原能力的影响. *应用生态学报*, 2010, 21(12): 3133-3140.
- [26] 米亮, 王光华, 金剑, 刘居东, 刘晓冰. 黑土微生物呼吸及群落功能多样性对温度的响应. *应用生态学报*, 2010, 21(6): 1485-1491.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.31 ,No.15 August ,2011 (Semimonthly)

CONTENTS

Trophic group responses of ground arthropods to land-cover change and management disturbance	LI Fengrui, LIU Jiliang, HUA Wei, et al (4169)
Construction and comparative analysis of enriched microsatellite library from <i>Liposcelis bostrychophila</i> and <i>L. entomophila</i> genome	WEI Dandan, YUAN Minglong, WANG Baojun, et al (4182)
Development of EST-SSRs markers and analysis of genetic diversities among different geographical populations of Manila clam <i>Ruditapes philippinarum</i>	YAN Xiwu, YU Zhifei, QIN Yanjie, et al (4190)
Genetic diversity of different generations of the Dalian population of Manila clam <i>Ruditapes philippinarum</i> through selective breeding	YU Zhifei, YAN Xiwu, YANG Fei, et al (4199)
Comparative study of spike differentiation in wheat in the glasshouse and field	JIANG Lina, ZHAO Yanling, SHAO Yun, et al (4207)
Effects of organic fertilizer on growth and endogenous hormone contents of wheat seedlings under salt stress	LIU Haiying, CUI Changhai, ZHAO Qian, et al (4215)
Impacts of climatic change on spring wheat growth in a semi-arid region of the Loess Plateau: a case study in Dingxi, Gansu Province	YAO Yubi, WANG Runyuan, YANG Jinhu, et al (4225)
Dynamic changes in nitrogen and phosphorus concentrations and emission-reduction potentials in paddy field water under different tillage models	FENG Guolu, YANG Renbin (4235)
Effects of planting and straw returning of transgenic Bt maize on soil enzyme activities under field condition	YAN Shilei, ZHAO Lei, SUN Hongwei, et al (4244)
Effects of short-term flooding on <i>Geobacteraceae</i> spp. and <i>Anaeromyxobacter</i> spp. abundance in paddy soil	ZHU Chao, Stefan Ratering, QU Dong, et al (4251)
Adaptive adjustments of the sowing date of late season rice under climate change in Guangdong Province	WANG Hua, CHEN Xinguang, HU Fei, et al (4261)
Carbon and nitrogen sequestration rate in long-term fenced grasslands in Inner Mongolia, China	HE Nianpeng, HAN Xingguo, YU Guirui (4270)
Ecosystems carbon storage and carbon sequestration potential of two main tree species for the Grain for Green Project on China's hilly Loess Plateau	LIU Yingchun, WANG Qiufeng, YU Guirui, et al (4277)
Wettability on plant leaf surfaces and its ecological significance	SHI Hui, WANG Huixia, LI Yangyang (4287)
Seasonal dynamics of litter accumulation in major forest communities on the northern slope of Changbai Mountain, Northeast China	ZHENG Jinping, GUO Zhongling, XU Chengyang, et al (4299)
A comparative study of seed germination traits of 52 species from Gurbantunggut Desert and its peripheral zone	LIU Huiliang, SONG Mingfang, DUAN Shimin, et al (4308)
The reproductive ecological characteristics of <i>Sinosenecio jishouensis</i> (Compositae) and its endangerment mechanisms	DENG Tao, CHEN Gongxi, ZHANG Daigui, et al (4318)
Iterative algorithm for analyzing the influence of the proportion of permanently destroyed sites on the equilibrium abundances of species	SHI Peijian, GE Feng, YANG Qingpei (4327)
Physiological mechanism of foliage spraying paclobutrazol on increasing salt tolerance of <i>Jatropha curcas</i> seedlings	MAO Yiqing, ZHENG Qingsong, CHEN Jianmiao, et al (4334)
Spatial ecological niche of main insect borers in larch of Aershan	YUAN Fei, LUO Youqing, SHI Juan, et al (4342)
Source areas and landing mechanism of early immigration of white-backed planthoppers <i>Sogatella furcifera</i> (Horváth) in Yunnan, 2009	SHEN Huimei, LÜ Jianping, ZHOU Jinyu, et al (4350)
Life history and the evolutionary significance of egg diapause in Changsha population of the rice grasshopper, <i>Oxya chinensis</i> (Orthoptera: Catantopidae)	ZHU Daohong, ZHANG Chao, TAN Ronghe (4365)
Relationships between main insect pests and their predatory natural enemies in "518" nectarine orchard	SHI Xiaoli, BI Shoudong, GENG Jiguang, et al (4372)
Dynamics of soil meso- and microfauna communities in Zoigê alpine meadows on the eastern edge of Qinghai-Tibet Plateau, China	ZHANG Hongzhi, WU Pengfei, YANG Daxing, et al (4385)
Seasonal changes in waterbirds population and movements of Great Black-headed Gull <i>Larus ichthyaetus</i> at Keluke Lake of Qinghai, China	ZHANG Guogang, LIU Dongping, HOU Yunqiu, et al (4398)
Predictions of net carbon emissions based on the emissions and forest carbon sinks in Yunnan Province	LIU Huiya, WANG Zheng, MA Xiaozhe (4405)
Ecological water depletion by human use in Beijing City	BAI Yinglan, WANG Rusong, YAO Liang (4415)
Review and Monograph	
Research progress on regulation mechanism for the process of water transport in plants	YANG Qiliang, ZHANG Fucang, LIU Xiaogang, et al (4427)
Antibiotics in environmental matrices and their effects on microbial ecosystems	YU Shen, WANG Min, HONG Youwei (4437)
Anaerobic ammonium oxidation in natural ecosystems	SHEN Lidong, ZHENG Ping, HU Baolan (4447)
Scientific Note	
Ecological characteristics of macrobenthic communities and their relation to water environmental factors in four bays of southern Shandong Peninsula	ZHANG Ying, LÜ Zhenbo, XU Zongfa, et al (4455)
Seasonal succession of crustacean zooplankton in relation to the major environmental factors in Lake Ulungur, Xinjiang	YANG Lili, ZHOU Xiaoyu, LIU Qigen, et al (4468)
Effect of different fertilization and irrigation practices on soil ammonia volatilization of Arecanut (<i>Areca catechu</i> L.)	LU Lilan, GAN Bingchun, XU Minghui, et al (4477)

2009 年度生物学科总被引频次和影响因子前 10 名期刊★

(源于 2010 年版 CSTPCD 数据库)

排序 Order	期刊 Journal	总被引频次 Total citation	排序 Order	期刊 Journal	影响因子 Impact factor
1	生态学报	11764	1	生态学报	1.812
2	应用生态学报	9430	2	植物生态学报	1.771
3	植物生态学报	4384	3	应用生态学报	1.733
4	西北植物学报	4177	4	生物多样性	1.553
5	生态学杂志	4048	5	生态学杂志	1.396
6	植物生理学通讯	3362	6	西北植物学报	0.986
7	JOURNAL OF INTEGRATIVE PLANT BIOLOGY	3327	7	兽类学报	0.894
8	MOLECULAR PLANT	1788	8	CELL RESEARCH	0.873
9	水生生物学报	1773	9	植物学报	0.841
10	遗传学报	1667	10	植物研究	0.809

★《生态学报》2009 年在核心版的 1964 种科技期刊排序中总被引频次 11764 次,全国排名第 1;影响因子 1.812,全国排名第 14;第 1—9 届连续 9 年入围中国百种杰出学术期刊;中国精品科技期刊

编辑部主任 孔红梅

执行编辑 刘天星 段 靖

生 态 学 报
(SHENGTAI XUEBAO)
(半月刊 1981 年 3 月创刊)
第 31 卷 第 15 期 (2011 年 8 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 31 No. 15 2011

编 辑	《生态学报》编辑部 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085 电话:(010)62941099 www.ecologica.cn shengtaixuebao@rcees.ac.cn	Edited by	Editorial board of ACTA ECOLOGICA SINICA Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China Tel:(010)62941099 www.ecologica.cn Shengtaixuebao@rcees.ac.cn
主 编	冯宗炜	Editor-in-chief	FENG Zong-Wei
主 管	中国科学技术协会	Supervised by	China Association for Science and Technology
主 办	中国生态学会 中国科学院生态环境研究中心 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085	Sponsored by	Ecological Society of China Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
出 版	科 学 出 版 社 地址:北京东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717	Published by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷	北京北林印刷厂	Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
发 行	科 学 出 版 社 地址:东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717 电话:(010)64034563 E-mail:journal@csppg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@csppg.net
订 购	全国各地邮局	Domestic	All Local Post Offices in China
国外发行	中国国际图书贸易总公司 地址:北京 399 信箱 邮政编码:100044	Foreign	China International Book Trading Corporation Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China
广告经营 许 可 证	京海工商广字第 8013 号		



ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 70.00 元