

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*
50(5):647-653; 4 May 2010
ISSN 0001-6209; CN 11-1995/Q
<http://journals.im.ac.cn/actamicrocn>

不同风化程度钾长石表面矿物分解细菌的筛选及遗传多样性

赵飞, 黄智, 何琳燕, 王鹏, 盛下放*

(南京农业大学生命科学学院, 农业部农业环境微生物工程重点实验室, 南京 210095)

摘要:【目的】不同风化程度钾长石表面矿物分解细菌生物多样性研究将有助于了解矿物生物风化、生物成矿和土壤形成的演化规律和机理。【方法】采用纯培养法自南平钾矿区高、中、低风化度钾长石以及矿区土壤样品中分离矿物分解细菌, 通过摇瓶释硅实验比较不同菌株分解矿物能力, 采用 16S rDNA 限制性酶切多态性分析 (Amplified rDNA Restriction Analysis, ARDRA) 研究了供试菌株的遗传多样性。【结果】分离筛选到 35 株生长良好的矿物分解细菌, 与对照相比, 接菌处理发酵液中有效硅增加了 101~206%; 所有供试菌株可分为 11 个 OTU, 分别属于 5 个门, 6 个科, 7 个属。多数菌株 (74%) 属于 γ -变形杆菌纲 (γ -Proteobacteria)。泛菌属 (*Pantoea*), 沙雷氏菌属 (*Serratia*), 假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 为优势种群。【结论】南平钾矿区矿物分解细菌具有丰富的微生物种群多样性, 且 γ -变形杆菌纲 (γ -Proteobacteria) 细菌在钾长石风化过程中可能起了重要的作用。

关键词: 地质微生物学; 钾矿区; 矿物分解细菌; ARDRA; 遗传多样性

中图分类号: Q939 **文献标识码:** A **文章编号:** 0001-6209 (2010) 05-0647-07

地质微生物学 (Geomicrobiology) 是地质科学与微生物学紧密结合的一门新兴学科, 是研究微生物生命过程与地球表层地质环境相互关系的科学。微生物在地球表层各圈层形成与演变, 如成岩, 成矿, 物质转化, 物质循环以及气候变化等方面起着重要的作用^[1-4], 并以酸解, 碱解, 络合等多种方式加速矿物风化过程, 促进土壤演化, 并为植物提供磷、钾、硅等营养元素^[5-6]。目前矿物微生物风化作用的研究主要集中在物理化学过程、自然界矿物和元素转变过程中微生物所起的作用及矿物分解的微生物效应等方面^[7], 但矿物风化过程中微生物的分布、数量、种群和功能等生物学问题尚未系统展开研究, 关于自然地质条件下矿物风化与微生物遗传多样性的相关性研究更鲜见报道。

传统的分离培养方法是研究土壤微生物区系组成、数量及主要生理类群结构状况的经典方法。随着现代分子生物学的飞速发展, 16S rRNA 基因序列分析及核酸指纹图谱分析等分子生物学技术正在特殊环境微生物资源遗传多样性及分类、微生物种群结构和功能基因组的研究中广泛应用^[8-9]。

南平钾矿位于中国福建省南平市邵武灯擎地区, 该地区属于亚热带季风湿润气候和典型的山区立体气候, 湿润多雾, 年平均气温 17.7 °C。本文对采集自该矿区的不同风化程度钾长石表面及土壤中的矿物分解细菌进行了分离筛选, 研究其释硅功能和遗传多样性, 以期深入了解微生物促进钾矿物风化的机制研究提供实验基础。

基金项目: 国家自然科学基金 (30400006)

* 通信作者。Tel: +86-25-84396484; E-mail: xfsheng604@sohu.com

作者简介: 赵飞 (1982-), 女, 山东烟台人, 博士研究生, 主要从事矿物风化与微生物分子生态研究。E-mail: yierangel@yahoo.com.cn

收稿日期: 2009-11-04; 修回日期: 2010-01-08

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 样品来源:样品采集于南平钾长石矿的不同风化程度钾长石(高、中、低)和矿区土壤,采集时间为2007年10月21日。高、中、低度风化钾长石样品分别记为H、M、L,各3份,土壤样品记为S,为6份,保存于无菌纸袋中带回实验室,4℃保存待用。

1.1.2 培养基:①有氮培养基^[10]:蔗糖 10.0 g, (NH₄)₂SO₄ 1.0 g, K₂HPO₄ 2.0 g, MgSO₄ · 7H₂O 0.5 g, NaCl 0.1 g, 酵母膏 0.5 g, CaCO₃ 0.5 g, 琼脂 20 g, 去离子水 1000 mL, pH 7.2; ②SSKM 培养基^[11] (source-mineral salts K-limited medium): 蔗糖 10.0 g, (NH₄)₂SO₄ 1.0 g, Na₂HPO₄ 0.5 g, MgSO₄ · 7H₂O 0.5 g, NaCl 0.1 g, 酵母膏 0.5 g, 水洗阴干钾长石粉 10 g, 去离子水 1000 mL, pH 7.2。

1.1.3 主要试剂和仪器:rTaq DNA polymerase, 限制性核酸内切酶 *MspI* 和 pMD19-T simple vector 购自大连宝生物(TaKaRa)工程公司;PCR产物琼脂糖凝胶回收试剂盒购自北京天根(TianGen)生化科技公司;PCR仪(PTC-200)购自美国伯乐(Bio-Rad)公司;扫描电子显微镜(S-3000N)购自日本日立株式会社;旋转阳极X射线衍射仪(D/Max-RA)购自日本理学Rigaku公司。

1.2 矿石表面形态观察及组成分析

矿石表面形态观察采用扫描电子显微镜,加速电压为15 kV,工作距离为15-16 mm。矿石组成分析采用旋转阳极X射线衍射仪,测试条件为:管流管压 50 kV, 150 mA, 扫描角度 3-70, 步长 0.02, 扫描速度 10 s/step, 积分时间 0.2, 靶型 Cu, 滤波片为 Graphite, 狭缝 1, 1, 0.6, 0.6。

1.3 菌株分离

称取 10 g 样品置于 90 mL 无菌水中,采用稀释平板法在有氮培养基和固体 SSKM 培养基上分离筛选不同风化程度钾长石表面及土壤中的可培养细菌和矿物分解细菌并计数,挑取单菌落多次纯化后转接于斜面培养,4℃保存备用。

1.4 菌株释硅效能分析

参照文献[11]进行摇瓶释硅试验,28℃振荡培养7 d,取5 mL 发酵液离心(5000 r/min, 10 min),取上清液,采用硅钼蓝比色法测定溶液中有效硅含量。

1.5 16S rDNA 限制性酶切多态性分析 (Amplified rDNA Restriction Analysis, ARDRA)

供试菌株的基因组 DNA 提取及 16S rDNA 的扩

增见参考文献[12],采用细菌通用引物 27f (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') 和 1492r (5'-TACGGCTACCTTGTACGACTT-3') 扩增细菌 16S rDNA。PCR 反应体系为 50 μL, 包括 10 × PCR Reaction Buffer 5 μL, 2.5 mmol/L dNTPs 4 μL, 5 μmol/L 引物 1 μL, 待扩增 DNA 模板 1 μL, 2.5 U rTaq DNA polymerase。PCR 反应条件为:95℃预变性 5 min, 95℃变性 1 min, 55℃退火 30 s, 72℃延伸 90 s, 30 个循环,最后 72℃延伸 10 min。PCR 反应产物经 EB 染色的 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测。选用限制性内切酶 *MspI* 对 PCR 扩增产物进行酶切消化,酶切体系为 10 μL: 0.5 μL 限制性内切酶, 1 μL 10 × buffer, 1 μL PCR 产物, 7.5 μL 无菌超纯水。反应混合物于 37℃水浴 2 h, 然后加 1 μL 10 × Loading Buffer 终止反应。取 5 μL 酶切产物在 3% 琼脂糖凝胶 (150 V, 1 h) 电泳, EB 染色, 凝胶图像经电脑扫描处理后,在同一位置有条带的记为“1”,无条带的记为“0”,采用非加权平均连锁法 (Unweighted Pair Group Mathematical Average, UPGMA) 进行聚类分析并构建树状图谱。

1.6 16S rDNA 序列测定及系统发育学分析

根据 16S rDNA 限制性酶切片片段聚类分析结果,选取不同操作分类单元 (Operational Taxonomic Unit, OTU) 代表菌株,将成功扩增的 16S rDNA 采用琼脂糖凝胶回收试剂盒纯化后连接 pMD19-T 载体,连接产物转化大肠杆菌 DH5α 感受态细胞,在含有 X-gal (40 μg/mL)、IPTG (40 μg/mL)、Amp (100 μg/mL) 的 LA 平板上筛选并快速检测含有重组子的白色菌落。挑取阳性克隆由上海英骏生物技术有限公司完成 16S rDNA 序列的测定。将测定的序列用 BLAST 软件与 GenBank 中已知的 16S rDNA 序列进行同源性比较并与从 GenBank 中获得的各参比菌株 16S rDNA 序列一起,经 CLUSTAL1.83 软件对其格式编辑后用 MEGA 4.0 软件包中 Neighbor-Joining 法,经 Bootstrap 计算 1000 次后构建系统发育树并计算序列相似性。

2 结果和分析

2.1 矿物分解细菌的分离筛选

采用含钾长石的培养基,根据菌落大小、形态、颜色等特征,从不同风化程度钾长石表面和土壤样品中共筛选到 35 株矿物分解细菌,其中土壤细菌 6 株,10 株细菌分离自高度分化钾长石表面,该表面在扫描电镜下可见针状次生矿物和细菌的不均匀分

布,显得粗糙不平(图 1-A、B),X-衍射分析该样品微斜长石含量较低,有次生矿物伊利石的生成。中度风化矿石表面有棒状次生矿物的存在,从中分离到 18 株矿物分解细菌。

由表 1 可知,土壤样品中可培养细菌数量最多,

矿物分解细菌数量也最多,未风化的原生矿物表面细菌数量最少,也只分离到 1 株矿物分解细菌。扫描电镜下未风化矿石表面光滑,主要含有原生矿物微斜长石和钠长石,含有少量石英和高岭石,少见细菌(图 1-C)。

表 1 不同风化程度钾长石和土壤样品中可培养细菌与矿物分解细菌数量、ARDRA 分型及矿物组成

Table 1 The biomass of cultured bacteria (CB) and mineral-solubilizing bacteria (MSB), ARDRA patterns and composition of the different weathered K-feldspar and soil samples by XRD analysis.

Samples	CB / (CFU/g)	MSB / (CFU/g)	Strains	ARDRA pattern	XRD														
					Phase 1	Phase 2	Phase 3	Phase 4	Phase 5	Phase 6									
S	3.13×10^7	3.9×10^5	F72	2	Quartz	Kaolinite	Gibbsite	K-feldspar	Illite	Chlorite									
			F54	4															
			F71, F77	7															
			F52, F57	11															
			F19	3															
H	1.82×10^6	1.8×10^3	F11, F13	4	Quartz	Kaolinite	K-feldspar	Illite	-	-									
			F12	6															
			F5, F17	7															
			F2	8															
			F18	10															
			F1, F3	11															
			M	3.73×10^5							2.6×10^3	F30	1	K-feldspar	Quartz	K-feldspar	-	-	-
												F21, F28, F35, F39, F42, F84, F86	4						
F24, F81	5																		
F31	6																		
F37, F45,	7																		
F27	9																		
F80	10																		
F23, F33, F40	11																		
L	5.67×10^3	5×10^2			F48	4	K-feldspar	Albite	Quartz	Kaolinite		-	-						

S: soil; H: high-weathered feldspar; M: middle-weathered feldspar; L: low-weathered feldspar.

-: no detection

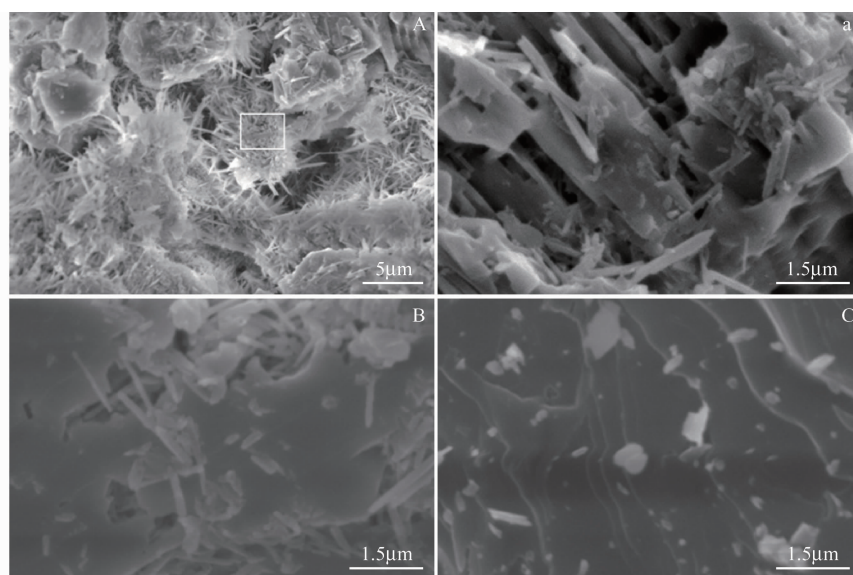


图 1 不同风化程度钾长石样品 SEM 照片

Fig. 1 SEM photographs of different weathered K-feldspar samples. A: high-weathered K-feldspar (3500 ×); a: higher-resolution SEM image of boxed region; B: middle-weathered K-feldspar (14000 ×); C: low-weathered K-feldspar (14000 ×).

2.2 矿物分解细菌的遗传多样性分析

以 27f 和 1492r 为引物对供试菌株 16S rDNA 基因片段进行扩增, 所得片段大小约为 1.5 kb。采用限制性内切酶 *Msp* I 对 PCR 产物进行酶切, 谱带较丰富。供试 35 株菌株在 60% 相似水平上可聚为 11 个 OTU, 第 4、7 和 11 个 OTU 分别包含的菌株数量为 11、6、7, 占总菌数的 69%。菌株 F30、F72、F19、F2、F27 分别具有独立的 ARDRA 型。OUT 4 所包含的 11 株菌株分布于 4 个样品, 且 64% 菌株来自中风化度钾长石样品; 而中度风化矿石表面的 18 株分离菌株也可分为 8 个不同 OTU。根据 UPGMA 树状图挑取各 OTU 代表菌株 12 株进行了 16S rDNA 序列测定, 结果表明供试细菌在系统发育关系上共分为 5 个菌群, 即 α -变形杆菌纲 (α -Proteobacteria), γ -变形杆菌纲 (γ -Proteobacteria), 厚壁菌门 (Firmicutes), 放线菌门 (Actinobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes) (图 3), 包括泛菌属 (*Pantoea*)、沙雷氏菌属 (*Serratia*)、假单胞菌属

(*Pseudomonas*)、土壤杆菌属 (*Agrobacterium*)、微小杆菌属 (*Exiguobacterium*)、微杆菌属 (*Microbacterium*) 和鞘氨醇杆菌属 (*Sphingobacterium*)。 γ -Proteobacteria 在该矿区矿物分解细菌中占优势, 其中泛菌属 (*Pantoea*)、沙雷氏菌属 (*Serratia*) 和假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 细菌的数量明显多于其他种属菌株, 为优势种群。

2.3 矿物分解细菌的释硅效能

由图 2 可见, 供试 35 株细菌除菌株 F19 外均有一定的分解矿物能力。分离自高度风化钾长石表面的菌株 F17 具有显著的释硅能力, 其接菌处理的发酵液中有效硅含量比对照增加 206%; 17 株供试菌株释硅能力中等, 其接菌处理的发酵液中有效硅含量比对照增加 101% - 166%, 占总分离菌株的 49%, 其中 12 株 (71%) 细菌分离自中度风化矿物样品, 3 株 (18%) 细菌分离自高度风化矿物样品, 2 株 (6%) 分离自矿区土壤。未风化矿物表面细菌 F48 对钾长石也有一定释硅能力。

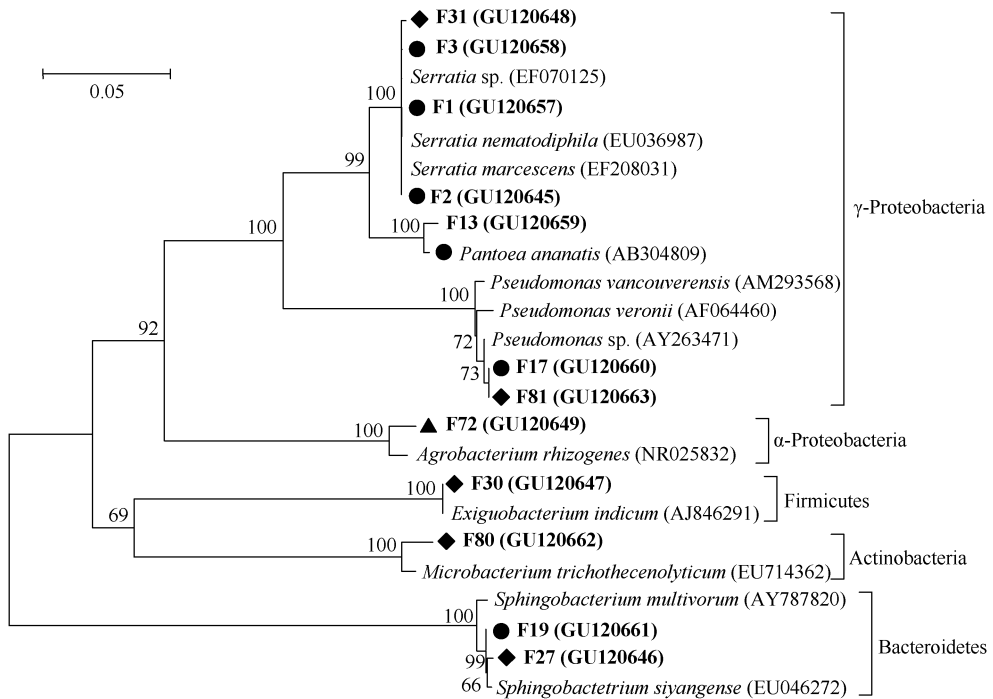


图 2 十二株细菌及其与 GenBank 数据库中相关种属细菌的 16S rDNA 序列为基础的系统发育树

Fig. 2 Neighbor-Joining tree constructed showing the phylogenetic relationships among 16S rDNA sequences obtained from the isolates randomly selected and their closely related sequences downloaded from GenBank etc. Si-releasing bacteria strains sequences from this study are bold with triangle (from soil), circle (from high-weathered K-feldspar), and rhombus (from middle-weathered K-feldspar). Numbers in parentheses represent the sequences accession number in GenBank. Numbers at nodes indicate the bootstrap values ($> 50\%$) based on neighbor-joining analyses of 1000 resampled datasets. Scale bar indicated 5 conserved nucleotide changes per 100 base pairs.

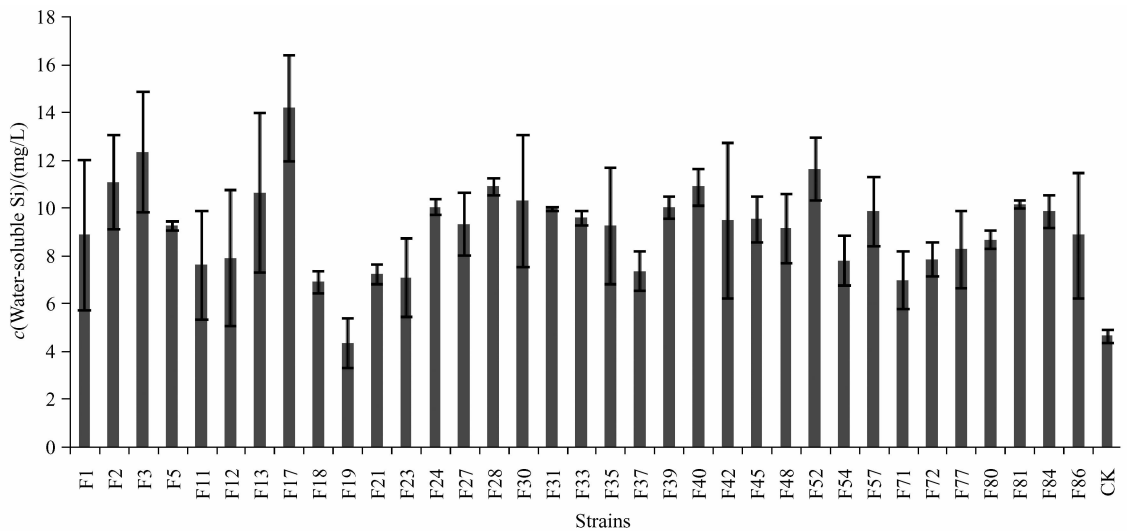


图3 液体培养条件下不同菌株分解钾长石释硅效能比较,以未接菌 SSKM 培养基作为对照。

Fig. 3 Amount of silicate (Si) released by bacterial strains after 7 days inoculation in liquid cultures. Control was inoculated by SSKM medium without inoculation.

3 讨论

微生物在地史的长河中发挥着巨大的生物地球化学作用,研究者们已经在深海沉积岩、地下岩心、南极冰芯等各类地质环境中发现微生物的存在^[13-16]。有证据表明,土壤、沉积岩及各类自然水体中所含的微生物细胞数量范围在 $10^3 - 10^9$ 个细胞· cm^{-3} 之间^[17-18],本研究发现不同风化程度矿物表面细菌数量在 $10^2 - 10^5$ 之间,与前人研究报道一致。而且高度风化矿物样品表面细菌数分别是中度风化和未风化矿物样品的10倍合1000倍,可培养细菌数量随着矿物风化加剧而增加,高风化度矿石样品表面粗糙度也相应增加。由此可见,矿物分解细菌在不同风化程度钾长石表面和矿区土壤中均有分布,且矿物分解细菌数量与矿物风化程度存在一定相关性,有必要对这类细菌与钾长石风化的紧密联系作用做进一步深入研究。

本研究采用ARDRA法对分离自不同风化程度钾长石表面和土壤样品中的35株具不同菌落形态的矿物分解细菌进行了快速分型,结合16S rDNA序列分析结果可将供试菌株共分为11个OTU,归属于5个系统发育群,6个科,7个属,存在较丰富的生物多样性,其中泛菌属(*Pantoea*),沙雷氏菌属(*Serratia*),假单胞菌属(*Pseudomonas*)细菌为优势种群,该结果与南京小龙山钾矿区植物根际可培养细菌种群明显不同^[10]。由此可见,样品理化性质、微域地形、气候及植被条件不同,客观上为矿物分解细菌遗传多样性的产生提供了条件。在地球表层土

壤中,微生物的活动可以导致硅酸盐等矿物风化,并从矿物中释放出大量植物生长所必需的营养元素^[19]。本研究分离到的高效释硅菌株F17接菌处理的发酵液中有效硅含量比对照增加206%。盛下放等报道了分离自土壤的NBT菌株可使培养液中速效钾增加226.02%^[20],笔者从山东风沙土棉花根际分离的根癌农杆菌(*Agrobacterium tumefaciens*)AFM2菌株可使发酵液中钾离子含量增加29.8%^[21],而贺积强等报道了四川紫色土中硅酸盐细菌培养液中速效钾的增加幅度仅为0.66% - 10.78%^[22]。由此可见,不同生态环境中的矿物分解细菌的释硅释钾能力存在着明显的差异。其中 γ -变形杆菌纲(γ -Proteobacteria)细菌在矿物风化进程中可能起了重要的作用,尤其是泛菌属(*Pantoea*)、沙雷氏菌属(*Serratia*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)细菌不但广泛分布于不同风化程度的钾长石表面,且个别菌株的矿物分解能力亦较强。高效菌株的筛选及对矿物分解作用和机理的研究将为生物风化作用和地质微生物学研究提供菌株和理论基础。

矿物-微生物相互作用是地球表生环境下重要的地质作用类型,由于硅酸盐矿物的微生物风化影响着地球物质循环及地貌的形成和演变,尤其受到地质地球化学领域的关注。能够在平皿上形成菌落的微生物只是土壤微生物群落中的部分可培养微生物,只有将可培养与未培养方法结合起来才能真正反映微生物的多样性^[23]。因此,随着现代分子生态学技术的发展,DGGE,RT-PCR,16S rDNA克隆文库

构建等多种方法在矿物-微生物相互作用的应用将有助于深入了解微生物在地球表层的分布特征及其在地质作用中的贡献。

参考文献

- [1] 张胜, 张翠云, 张云, 等. 地质微生物地球化学作用的意义与展望. *地质通报 (Geological bulletin of China)*, 2005, 24 (11-12): 1027-1031.
- [2] Banfield JF, Barker WW, Welth SA, et al. Biological impact on mineral dissolution: Application of the lichen model to understanding mineral weathering in the rhizosphere. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1999, 96: 3404-3411
- [3] Kevin H, Joselito MA, Jan B, et al. The influence of aspect on the biological weathering of granites: observations from the Kunlun Mountains, China. *Geomorphology*, 2005, 67: 171-188.
- [4] Kim J, Dong H, Seabaugh J, et al. Role of microbes in the smectite-to-illite reaction. *Science*, 2004, 303: 830-832.
- [5] Buss HL, Liittge A, Brantley SL. Etch pit formation on iron silicate surfaces during siderosphere-promoted dissolution. *Chemical Geology*, 2007, 240:326-342.
- [6] Hamecda B, Harini G, Rupela OP. Growth promotion of maize by phosphate- solubilizing bacteria isolated from composts and macrofauna. *Microbiological Research*. 2008, 163, 234-242.
- [7] 陈骏, 姚素平, 季峻峰, 等. 微生物地球化学及其研究进展. *地质述评 (Geology Review)*, 2004, 50(6): 620-632.
- [8] 王红梅, 谢树成, 赖旭龙, 等. 分子地质微生物学研究方法述评. *地球科学进展 (Advances in Earth Science)*, 2005, 20(6): 664-670.
- [9] Laguerre G, Allard M, Revoy F. Rapid identification of rhizobia by restriction fragment length polymorphism analysis of PCR-amplified 16S rRNA genes. *Applied and Environmental Microbiology*, 1994, 60: 56-63.
- [10] 王静, 盛下放, 曹建芳, 等. 南京小龙山钾矿区植物根际可培养细菌的遗传多样性分析. *微生物学报 (Acta Microbiologica Sinica)*, 2009, 49(7): 867-873.
- [11] Sheng XF, Zhao F, He LY, et al. Isolation and characterization of silicate mineral-solubilizing *Bacillus globisporus* Q12 from the surfaces of weathered feldspar. *Canadian Journal Microbiology*, 2008, 54: 1064-1068.
- [12] Sambrook J, Maniatis T, Fritsch EF. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd eds. New York: Cold Spring Harbor Laboratory, 1992.
- [13] Daughney CJ, Rioux JP, Fortin D, et al. Laboratory investigation of the role of bacteria in the weathering of basalt near deep sea hydrothermal vents. *Geomicrobiology Journal*, 2004, 21: 21-31.
- [14] Zhang GX, Dong HL, Xu ZQ, et al. Microbial diversity in ultra-high-pressure rocks and fluids from the Chinese continental scientific drilling project in China. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71: 3213-3227.
- [15] Priscu JC, Adams EE, Lyon WB, et al. Geomicrobiology of subglacial ice above Lake Vostok, Antarctica. *Science*, 1999, 286: 703-704.
- [16] Kerr RA. Life goes to extremes in the deep earth and elsewhere? *Science*, 1997, 276: 703-704.
- [17] Dunbar J, Barns SM, Ticknor LO. Empirical and theoretical bacterial diversity in four Arizona soils. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68: 3035-3045.
- [18] Torsvik V, Goksoyr J, Daae FL. High diversity in DNA of soil bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 1990, 56: 782-787.
- [19] 李富春, 李莎, 杨用钊, 等. 原生硅酸盐矿物风化产物的研究进展-以长石和云母为例. *岩石矿物学杂志 (Acta Petrologica et Mineralogica)*, 2006, 25(5): 440-448.
- [20] 盛下放, 黄为一. 硅酸盐细菌 NBT 菌株生理特性的研究. *土壤学报 (Soils)*, 2001, 38(4): 569-574.
- [21] 赵飞, 盛下放, 黄智, 等. 山东地区钾矿物分解细菌的分离及生物学特性. *生物多样性 (Biodiversity Science)*, 2008, 16(6): 593-600.
- [22] 贺积强, 李登煜, 张小平, 等. 紫色土硅酸盐细菌的表型特征及溶磷解钾能力. *应用与环境生物学报 (Chinese Journal of Applied Environmental Biology)*, 2003, 9(1): 71-77.
- [23] 陈义光, 李汇明, 李沁元, 等. 一平浪盐矿古老岩盐沉积中可培养细菌的系统发育多样性研究. *微生物学报 (Acta Microbiologica Sinica)*. 2007, 47(4): 571-577.

Isolation and genetic diversity of mineral-solubilizing bacteria of different weathered potassium-feldspars

Fei Zhao, Zhi Huang, Linyan He, Peng Wang, Xiafang Sheng*

(College of Life Science, Nanjing Agricultural University, Key Laboratory of Microbiological Engineering of Agricultural Environment, Ministry of Agriculture, Nanjing 210095, China)

Abstract: [**Objective**] We isolated and characterized potassium-bearing mineral-solubilizing bacteria from the surfaces of weathered feldspar as well as soil samples. [**Methods**] We isolated cultivable mineral-solubilizing bacteria by plating and screening from the surfaces of different level of weathered feldspar as well as soil samples. We characterized bacteria regarding their ability of releasing Si from feldspar samples and further classified by amplified rDNA restriction analyses (ARDRA). Twelve typical bacterial strains were identified by 16S rDNA sequence analysis. [**Results**] Thirty-five Si-releasing bacteria were isolated from the surfaces of weathered feldspar and soil samples and classified by ARDRA in 11 different operational taxonomic units (OTU) at the similarity level of 60%, belonging to 5 major phylogenetic groups, 6 families, and 7 genera (*Pantoea*, *Pseudomonas*, *Serratia*, *Agrobacterium*, *Sphingobacterium*, *Exiguobacterium*, and *Microbacterium*). *Pantoea*, *Pseudomonas* and *Serratia* were the dominant groups. Inoculation with the isolates was found to increase the Si in the solution by 101 ~ 206% compared to the control. [**Conclusions**] Different mineral-solubilizing bacteria inhabited in different weathered K-feldspar surfaces and soils in the potassium mine. γ -Proteobacteria might play an important role in the process of K-feldspar weathering.

Keywords: geomicrobiology; potassium mine; mineral-solubilizing bacteria; amplified rDNA restriction analyses (ARDRA); genetic diversity

(本文责编:王晋芳)

Support by the Natural Science Foundation of China (30400006)

* Corresponding author. Tel: +86-25-84396484; E-mail: xfsheng604@sohu.com

Received: 4 November 2009/ Revised: 8 January 2010

《微生物学报》对摘要的写作要求

1. 研究报告摘要:基本要素包括研究目的、方法、结果和结论,并要求在文中给出“【目的】、【方法】、【结果】和【结论】”等字样。具体地讲就是研究工作的主要对象和范围,采用的手段和方法,得出的结果和重要结论。在结果和讨论中应写明本文的创新之处。
2. 综述摘要:包括论述内容的发展水平、自己的评论及展望。
3. 英文摘要的撰写要点:英文摘要的内容应与中文摘要一致,但比中文摘要更详尽。要求在文中按照[Objective]、[Methods]、[Results]、[Conclusion]顺序分项撰写。英文摘要完成后,务必请英文较好且专业知识强的专家审阅定稿后再返回编辑部。凡不符合要求的,即使学术上可以达到刊出的水平,本刊也将推迟发表。
 - (1) 在英语摘要中,不要使用任何汉字字符,包括标点、括号、温度、希腊字母等。
 - (2) 建议使用第一人称,以此可区分研究结果是引用文献的还是作者的。
 - (3) 建议用主动语态,被动语态表达拖拉模糊,尽量不用,这样可以免好多长句,以求简单清晰。
 - (4) 摘要应当使用过去时态,语法正确,句子通顺。
 - (5) 摘要中不用缩写语,除非是人人皆知的,如:DNA、ATP 等。
 - (6) 句子的开头处最好不要使用数字。