

中国百种杰出学术期刊
中国精品科技期刊
中国科协优秀期刊
中国科学院优秀科技期刊
新中国 60 年有影响力的期刊
国家期刊奖

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica

(Shengtai Xuebao)

第 30 卷 第 22 期
Vol.30 No.22
2010



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 30 卷 第 22 期 2010 年 11 月 (半月刊)

目 次

高温对水稻叶片蛋白质表达的影响·····	曹云英,段 骅,王志琴,等 (6009)
茶园间作柑桔杨梅或吊瓜对叶蝉及蜘蛛类群数量和空间格局的影响·····	叶火香,崔 林,何迅民,等 (6019)
鼠尾藻生长与生殖的权衡·····	张树宝,唐永政,王志芳,等 (6027)
不同氮素水平下超高产夏玉米冠层的高光谱特征·····	陈国庆,齐文增,李 振,等 (6035)
近 100 年植被破坏侵蚀环境下土壤质量退化过程的定量评价 ·····	郑粉莉,张 锋,王 彬 (6044)
毛乌素沙地南缘沙漠化临界区域土壤养分的空间异质性·····	邱开阳,谢应忠,许冬梅,等 (6052)
CO ₂ 浓度倍增对干旱胁迫下黄瓜幼苗膜脂过氧化及抗氧化系统的影响 ·····	李清明,刘彬彬,艾希珍 (6063)
小兴安岭阔叶红松林粗木质残体空间分布的点格局分析·····	刘妍妍,金光泽 (6072)
光照对鄂东南 2 种落叶阔叶树种幼苗生长、光合特性和生物量分配的影响 ·····	杨 莹,王传华,刘艳红 (6082)
不同耕作和覆盖方式对紫色丘陵区坡耕地水土及养分流失的影响·····	林超文,罗春燕,庞良玉,等 (6091)
黄土残塬沟壑区流域次生植被物种分布的地形响应·····	王盛萍,张志强,张建军,等 (6102)
农村土地经营权流转对区域景观的影响——以北京市昌平区为例·····	刘 同,李 红,孙丹峰,等 (6113)
基于农户响应的北方农牧交错带生态改善策略·····	徐建英,柳文华,常 静,等 (6126)
滨岸不同植物配置模式的根系空间分布特征·····	仲启铖,杜 钦,张 超,等 (6135)
三江平原小叶章湿地剖面土壤微生物活性特征·····	杨桂生,宋长春,宋艳宇,等 (6146)
不同水分处理对湿地松幼苗生长与根部次生代谢物含量的影响·····	李昌晓,魏 虹,吕 茜,等 (6154)
生活污水慢渗生态处理对土壤及杨树生长的影响·····	白保勋,杨海青,樊 巍,等 (6163)
玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响·····	时 鹏,高 强,王淑平,等 (6173)
茶园 4 种半翅目主要害虫与其捕食性天敌的关系·····	周夏芝,毕守东,柯胜兵,等 (6183)
采煤塌陷地不同施肥处理对土壤微生物群落结构的影响·····	李金岚,洪坚平,谢英荷,等 (6193)
典型区域果园表层土壤 5 种重金属累积特征·····	杨世琦,刘国强,张爱平,等 (6201)
工业园区氮代谢——以江苏宜兴经济开发区为例·····	武娟妮,石 磊 (6208)
公路绿化带对路旁土壤重金属污染格局的影响及防护效应——以山西省主要公路为例·····	王 慧,郭晋平,张芸香,等 (6218)
奥运期间北京 PM _{2.5} 、NO _x 、CO 的动态特征及影响因素 ·····	曾 静,廖晓兰,任玉芬,等 (6227)
新疆绿洲农田土壤-棉花系统 9 种矿质元素生物循环特征 ·····	韩春丽,刘 娟,张旺锋,等 (6234)
甘肃省黄土高原旱作玉米水分适宜性评估·····	姚小英,蒲金涌,姚茹莘,等 (6242)
基于粪便 DNA 的马鹿种群数量和性比 ·····	田新民,张明海 (6249)
专论与综述	
水生态功能分区研究中的基本问题·····	唐 涛,蔡庆华 (6255)
土壤水分遥感监测研究进展·····	杨 涛,官辉力,李小娟,等 (6264)
中国北方气候暖干化对粮食作物的影响及应对措施·····	邓振镛,王 强,张 强,等 (6278)
问题讨论	
城市物质流分析框架及其指标体系构建·····	陈 波,杨建新,石 焱,等 (6289)
研究简报	
湖南会同不同退耕还林模式初期碳密度、碳贮量及其空间分布特征 ·····	田大伦,尹刚强,方 晰,等 (6297)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 300 * zh * P * ¥70.00 * 1510 * 32 * 2010-11

玉米连作及其施肥对土壤微生物群落 功能多样性的影响

时 鹏¹, 高 强², 王淑平^{1,*}, 张 妍¹

(1. 中国科学院研究生院资源与环境学院, 北京 100049; 2. 吉林农业大学资源与环境学院, 长春 130118)

摘要:采用 Biolog 技术,借助吉林农业大学 1984 年建立的长期定位试验,以撂荒和非玉米连作(当季作物为芸豆)为对照,研究玉米连作及其不同施肥措施对土壤微生物功能多样性的影响。结果表明,反映土壤微生物活性的平均颜色变化率(AWCD)呈现出以下变化规律:撂荒(UC) > 非玉米连作(NCC) > 玉米连作不施肥(CK);玉米连作配施秸秆(S、SN、SNPK) > 玉米连作配施 NPK(NPK) > 玉米连作不施肥(CK) > 玉米连作单施 N(N)。微生物培养 72h 活性旺盛,各处理 AWCD 在 0.395—0.732 之间,其中撂荒 AWCD 显著高于非玉米连作和玉米连作不施肥($P < 0.05$);玉米连作配施秸秆明显提高微生物活性,玉米连作配施秸秆(S、SN、SNPK) AWCD 是玉米连作不施肥和单施化肥(N、NPK)的 1.26—1.62 倍。玉米连作不施肥土壤微生物群落多样性指数(H' 、 E' 、 S')低于撂荒处理,但高于非玉米连作处理,非玉米连作提高了土壤微生物优势度指数。玉米连作配施秸秆土壤微生物物种丰富度指数和均匀度指数高于玉米连作不施肥和玉米连作施化肥,玉米连作单施氮肥优势度指数较高,其它多样性指数降低。主成分分析结果表明,不同处理土壤微生物碳源利用特征出现分异:撂荒和玉米连作配施秸秆处理集中在第 1 主成分正方向,得分系数在 2.39—4.17 之间,土壤微生物碳源利用特征相似;玉米连作不施肥、玉米连作单施化肥和非玉米连作处理分布在第 1 主成分负方向,得分系数在 -5.43—-1.59 之间。土壤微生物利用的碳源主要是糖类、羧酸类、氨基酸和聚合物。玉米连作配施秸秆和撂荒有利于提高土壤微生物代谢活性和土壤微生物群落功能多样性,玉米连作单施化肥尤其单施氮肥土壤微生物活性和功能多样性下降。

关键词:玉米连作;秸秆还田;施肥;微生物功能多样性;Biolog

Effects of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity

SHI Peng¹, GAO Qiang², WANG Shuping^{1,*}, ZHANG Yan¹

¹ College of Resources and Environment, Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

² Faculty of Resources and Environment, Jilin Agriculture University, Changchun 130118, China

Abstract: The characteristics of soil microbes are sensitive indicators of soil fertility. Fertilization can influence soil physiochemical and biological properties. The impact of continuous cropping of corn on a soil ecosystem is a gradual process. Consequently, it is important to understand the effect of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity. In this study uncultivated (UC) and non-continuous cropping (NCC) were set as controls and treatments were continuous cropping of corn with different fertilization: application of straw (S), combined application of straw and N (SN), combined application of straw and NPK (SNPK), application of N (N), application of NPK (NPK), and no fertilizer (CK). Soil microbial community functional diversity was studied using Biolog ECO plates. The Average Well Color Development (AWCD) indicated the activity of the soil microbial community. The indices of Shannon index (H'), Substrate evenness (E'), Simpson's Dominance (D_s') and Substrate richness (S') were calculated to show the soil microbial community diversity. Substrates in Biolog ECO plates were divided into 6 groups: Carbohydrates,

基金项目:中国科学院研究生院院长基金(085101MM03);国家自然科学基金资助项目(40771215)

收稿日期:2010-05-10; **修订日期:**2010-09-16

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wshuping@gucas.ac.cn

Carboxylic acids, Amino acids, Amines, Polymers and Miscellaneous. Principal component analysis was used to show the difference utilization of substrates by soil microbes.

The results indicated that *AWCD* changed with the incubation progress of different treatments in the following order: UC > NCC > CK; continuous cropping of corn with straw return (S, SN and SNPK) > NPK > CK > N. The activity of microbe was vigorous at the time of cultivation of 72 h and *AWCD* of treatments were range from 0.395 to 0.732. *AWCD* of UC was higher than CK and NCC. Continuous cropping of corn with straw return (S, SN and SNPK) significantly increased soil microbial activity and they were 1.26 to 1.62 times higher than continuous cropping of corn with fertilizer (N and NPK) and CK. UC and continuous cropping of corn with straw return (S, SN and SNPK) significantly increased the Shannon index (*H*) and Substrate evenness (*E*), while continuous cropping of corn with chemical fertilizer (N and NPK) decreased these microbial diversity indices ($P < 0.05$). CK had lower microbial diversity indices (*H*, *E* and *S*) than UC, but they were higher than indices of NCC. NCC had larger *D_s* than other treatments because nitrogen-fixing microorganisms grew vigorously supported by the legume crop. Principal component analysis showed that carbon utilization by soil microbial communities changed in different treatments. However, UC and continuous cropping of corn with straw return (S, SN, SNPK) had similar carbon utilization. The treatments of UC, S, SN and SNPK concentrated in the positive direction of the first principal component and the score coefficients ranged from 2.39 to 4.17. Conversely, the treatments of CK, N, NPK and NCC concentrated in the negative direction of the second principal component and the score coefficients ranged from -5.43 to -1.59. The carbon sources mostly used by soil microbes were Carbohydrates, Amino acids, Carboxylic acids and Polymers. Therefore, uncultivated and continuous cropping of corn with straw return preserved soil quality well and improved the activity and functional diversity of the soil microbial community. Continuous cropping of corn with chemical fertilizer especially nitrogen fertilizer decreased soil microbial community functional diversity.

Key Words: continuous cropping of corn; straw return; fertilization; microbial community functional diversity; Biolog

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分^[1],主导土壤生态系统养分循环和能量流动,对于维持系统的稳定性和可持续性具有重要的作用^[2]。研究表明土壤微生物参与了90%左右的土壤反应过程^[3],微生物在土壤中的分布和活动是土壤环境与微生物群落相互影响与适应的综合作用的结果^[4]。土壤微生物对耕作、施肥、土地利用等变化反应敏感,其特征可作为生物指标指示土壤质量、评价土壤肥力^[5-6]。土壤微生物群落功能多样性反映了土壤微生物群落的生态特征。Garland 和 Mills 首次应用 Biolog 微孔板描述微生物的群落功能特征^[7],该方法通过对单一碳源利用的测定得到微生物群落的代谢特征指纹,定量描述微生物群落功能多样性,可用于评价不同作物栽培措施对土壤质量的影响^[8]。

施肥是影响土壤质量和可持续发展的重要措施之一^[9],肥料施用调节土壤养分的储存和转化,影响土壤肥力和土壤生物区系。不同的施肥制度对土壤微生物数量、群落结构影响差异显著,长期施入氮肥降低土壤微生物活性^[10],而向土壤中添加粪肥、植物残体等有机肥可维持土壤肥力和微生物系统的稳定^[11]。秸秆还田增加了土壤有机物质含量,改善土壤结构,减缓地力衰竭^[12],有利于土壤微生物的生长繁殖,提高了土壤生物多样性^[11]。合理的施肥制度是维持土壤肥力,提高土地生产力的必要举措。

植物对土壤环境的重要影响之一是改变土壤微生物群落特征^[13]。研究证实不同的作物对土壤微生物群落的影响不同^[14],作物通过根系分泌物在塑造土壤微生物群落中起着重要的作用,不同作物根系分泌物的成分和含量不同,从而改变了土壤微生物群落的生长代谢^[15]。长期玉米连作农田,受土壤理化性质、物理结构、根系分泌物和生物变化等因素的综合影响,土壤微生物量下降^[16]。土壤团聚体中微生物含量丰富,长期传统耕作导致表层土壤团聚体破坏,而休闲耕作可显著增加土壤团聚体的数量^[17],提高土壤微生物含量^[18]。

随着我国人口的增长,粮食需求压力加大,粮食安全成为关系国计民生大问题。东北地区是我国重要的粮食生产基地、玉米的主产区、世界三大“黄金玉米带”之一^[19]。近年来玉米价格上涨,单产增加,玉米耕

作面积逐年增加,连作面积也在上升^[20]。玉米连作对土壤生态环境的影响存在异议^[20-22],且多集中在玉米连作对土壤肥力和作物产量等的影响^[21-23],关于玉米连作对土壤微生物群落功能多样性的研究很少。本文利用 Biolog 技术,借助长期定位试验,以撂荒和非玉米连作为对照,研究玉米连作及其不同施肥措施对土壤微生物群落功能多样性的影响,以期为玉米主产区建立合理的农业种植方式和施肥制度提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤与试验设计

土样采自吉林农业大学长期定位试验田(43.81°N,125.40°E),试验地点年均温 4.8℃,年平均降水量 615 mL。长期定位试验布置于 1984 年,土壤类型为草甸黑土。1984 年进行匀地播种,1985—1994 年为玉米与大豆等作物轮作,1994 年至今连种玉米。试验方案为裂区设计,主处理为不同水平秸秆施用量,副处理为氮磷钾三因素二水平完全方案,小区面积 2 m²,重复 4 次。氮肥施用尿素,施 N 150 kg/hm²;磷肥施用重过磷酸钙,施 P₂O₅ 75 kg/hm²;钾肥施用硫酸钾,施 K₂O 37.5 kg/hm²;秸秆风干后,铡成 6 cm 左右破垄秋季施入土壤,施用量为 0、2500、5000 kg/hm²。每年根据具体情况稍有所调整。

本研究借助该长期定位试验,选取试验田中间 3 次重复的玉米连作 15a 的如下施肥处理:不施肥(CK)、单施氮肥(N)、施氮磷钾肥(NPK)、单施秸秆(S:5000 kg/hm²)、秸秆和氮肥配施(SN)、秸秆和氮磷钾肥配施(SNPK),以玉米连作试验田附近不施肥的非玉米连作(NCC)(当季作物为芸豆)和撂荒(UC)为对照处理,重复 3 次。其基本理化性质见表 1。

表 1 供试土壤的基本理化性质

Table 1 The physicochemical properties of soil samples tested

处理 Treatments	有机质/(g/kg) Organic matter	全氮/(g/kg) Total N	碱解氮/(mg/kg) Alkali hydrolysable N	pH
CK	23.7 ± 0.8 bc	1.28 ± 0.01 c	96.14 ± 6.73 c	6.84 ± 0.52 b
N	23.0 ± 0.8 bc	1.32 ± 0.35 c	101.65 ± 1.90 c	5.72 ± 0.07 de
NPK	24.8 ± 1.5 abc	1.37 ± 0.25 c	117.07 ± 6.65 b	5.47 ± 0.04 e
S	25.3 ± 0.1 abc	1.38 ± 0.03 bc	117.33 ± 3.16 b	7.03 ± 0.10 b
SN	25.2 ± 0.6 ab	1.51 ± 0.02 ab	131.35 ± 4.62 a	6.22 ± 0.19 c
SNPK	25.3 ± 0.6 ab	1.57 ± 0.06 a	126.57 ± 3.99 ab	5.85 ± 0.04 d
UC	22.7 ± 0.8 c	1.33 ± 0.04 c	96.02 ± 0.66 c	7.56 ± 0.09 a
NCC	26.7 ± 0.6 a	1.51 ± 0.08 ab	94.92 ± 0.58 c	7.01 ± 0.15 b

同一列中不同的字母表示差异达到显著水平($P < 0.05$);CK:玉米连作不施肥,N:玉米连作单施氮肥,NPK:玉米连作施氮磷钾肥,S:玉米连作单施秸秆,SN:玉米连作秸秆和氮肥配施,SNPK:玉米连作秸秆和氮磷钾肥配施,UC:撂荒,NCC:非玉米连作

1.2 土壤样品采集

2009 年 8 月 3 日用土钻采取土壤表层样品(0—20 cm),每小区采集 10 点组成 1 个土样。样品除去动植物残体等杂质,四分法去除多余土样,装入密封袋,立即置于冰盒中运回实验室,过 2 mm 筛,放于 4℃ 冰箱保存,并尽快进行 Biolog 分析。

1.3 Biolog 测定

试验采用 Biolog 微平板(BIOLOG Eco Plate™)作为微生物研究载体。测定基于 Garland 和 Mills 的方法^[7]并稍有变动,具体步骤如下:(1)称取相当于 10 g 烘干土的新鲜土样加入到已装有 100 mL 灭菌生理盐水(0.85%)的 250 mL 三角瓶中;(2)在漩涡震荡机上震荡 15min;(3)静置片刻,将浸提液稀释 1000 倍,加入微平板中,每孔加 150 μL;(4)将接种的微平板在 25℃ 培养,每隔 12h 在 Biolog 读数器上读取 590 nm 下的数据,持续 8d。

1.4 土壤理化性质分析

土壤有机质采用水合热重铬酸钾氧化-比色法测定,碱解氮采用碱解扩散法测定^[24],土壤全氮采用元素

分析仪(Vario EL III, 德国)测定, 土壤 pH 测定水土比为 2.5:1。

1.5 数据处理和分析

(1) 微平板孔中溶液吸光值平均颜色变化率 $AWCD$ 用于描述土壤微生物代谢活性, 计算公式如下:

$$AWCD = \sum (C_i - R_i) / n$$

式中, C_i 为每个有培养基孔的吸光值, R_i 为对照孔的吸光值, n 为培养基孔数, Biolog Eco 板 n 值为 31。

(2) Shannon-Wiener 物种丰富度指数 H 用于评估物种的丰富度, 计算公式如下:

$$H = - \sum P_i (\ln P_i)$$

式中, P_i 为第 i 孔的相对吸光值与所有整个微平板的相对吸光值总和的比值, 计算公式:

$$P_i = (C_i - R_i) / \sum (C_i - R_i)$$

(3) Shannon-Wiener 均匀度指数 E , 计算公式如下:

$$E = \frac{H}{\ln S}$$

(4) Simpson 优势度指数 D_s 用于评估某些最常见种的优势度, 计算公式如下:

$$D_s = 1 - \sum P_i^2$$

(5) 碳源利用丰富度指数 S :

$$S = \text{被利用碳源的总数}$$

土壤理化性质和微生物多样性指数的显著性分析采用单因素方差分析, 选取 72h 的平均颜色变化率 $AWCD$ 对微生物碳源利用进行主成分分析 (PCA), 方差分析和主成分分析借助 SPSS16.0 软件在计算机上进行分析。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物群落平均颜色变化率

平均颜色变化率 ($AWCD$) 反映了土壤微生物的代谢活性, 是土壤微生物群落利用单一碳源的重要指标^[25]。培养开始后, 每隔 12h 测定 $AWCD$ 值, 得到 $AWCD$ 随时间的动态变化图 (图 1)。从图 1 中可以看出, 培养起始的 24h 内 $AWCD$ 变化不明显, 而培养 24—72h $AWCD$ 快速增长, 此时微生物活性旺盛, 随后缓慢增长, 直至趋于稳定。培养期间, 撂荒处理 (UC) $AWCD$ 最高, 玉米连作单施 N 处理 (N) $AWCD$ 最低, 玉米连作配施秸秆处理 (S、SN、SNPK) 的 $AWCD$ 高于非玉米连作处理 (NCC), 后者又高于玉米连作不施肥 (CK) 及其玉米连作单施 N 处理。

接种培养后, 土壤微生物经过 24h 的滞后期, 逐渐适应 Biolog 微平板基质环境, 随后进入对数增长期直至 72h, 然后生长减缓逐渐稳定。微生物培养 72h 各处理 $AWCD$ 在 0.395—0.732 之间, 显著性分析表明: UC 显著高于 CK 和 NCC ($P < 0.05$), CK 和 NCC 之间差异不显著; 玉米连作配施秸秆处理 (S、SN、SNPK) 是 CK 和玉米连作单施化肥处理 (N、NPK) 的 1.26—1.62 倍, 其中 S 和 SNPK 处理显著高于 CK、N 和 NPK ($P < 0.05$); NPK 处理显著高于 N 处理 ($P < 0.05$), 和 CK 之间差异不显著; CK 稍高于 N 处理, 但差异不显著。

2.2 土壤微生物多样性的变化

如表 2 所示, UC 处理土壤微生物群落物种丰富度指数、均匀度指数和碳源利用数均高于 NCC 和 CK,

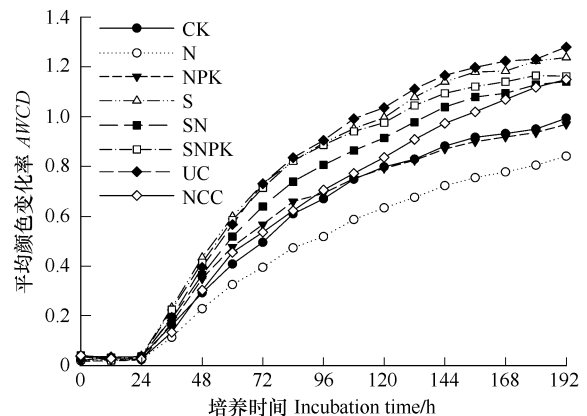


图 1 土壤微生物群落 $AWCD$ 随培养时间的变化

Fig. 1 $AWCD$ changes with incubation time of different treatments

NCC 土壤微生物优势度指数最高,而物种丰富度指数、均匀度指数和碳源利用数均较低。玉米连作配施秸秆处理(S、SN、SNPK)物种丰富度指数和均匀度指数均高于 CK 和玉米连作单施化肥处理(N、NPK),并且玉米连作下秸秆与化肥配施处理(SN、SNPK)均匀度指数显著高于 CK 和玉米连作单施化肥处理(N、NPK) ($P < 0.05$)。NPK 处理与 CK 之间土壤微生物多样性指数差异不显著。N 均匀度指数与 CK 差异不显著,物种丰富度指数和碳源利用丰富度指数显著低于 CK,但优势度指数较高。

表 2 土壤微生物群落多样性指数和 72hAWCD
Table 2 Diversity indices for soil microbial communities and AWCD of 72h

处理 Treatments	物种丰富度指数(H) Shannon index	均匀度指数(E) Substrate evenness	优势度指数(D _s) Simpson's Dominance	碳源利用丰富度指数(S) Substrate richness	72h 平均颜色变化率 AWCD
CK	3.02 ± 0.07 ab	0.90 ± 0.01 bc	0.06 ± 0.01 b	28.56 ± 1.26 a	0.495 ± 0.04 cd
N	2.90 ± 0.02 cd	0.88 ± 0.02 c	0.07 ± 0.00 a	26.22 ± 1.26 bc	0.395 ± 0.03 d
NPK	2.99 ± 0.02 bc	0.89 ± 0.01 c	0.06 ± 0.00 b	28.56 ± 0.69 a	0.567 ± 0.06 bc
S	3.09 ± 0.06 ab	0.92 ± 0.01 ab	0.05 ± 0.00 b	29.11 ± 0.84 a	0.732 ± 0.06 a
SN	3.07 ± 0.04 ab	0.93 ± 0.01 a	0.05 ± 0.00 b	27.67 ± 1.20 ab	0.639 ± 0.01 ab
SNPK	3.08 ± 0.12 ab	0.92 ± 0.02 a	0.05 ± 0.01 b	28.22 ± 1.35 ab	0.714 ± 0.18 a
UC	3.13 ± 0.04 a	0.93 ± 0.01 a	0.05 ± 0.00 b	29.00 ± 0.33 a	0.731 ± 0.08 a
NCC	2.84 ± 0.12 d	0.89 ± 0.01 c	0.08 ± 0.01 a	25.16 ± 2.17 c	0.537 ± 0.07 bc

同一列中不同的字母表示差异达到显著水平($P < 0.05$)

2.3 主成分分析

主成分分析是处理数学降维的一种方法,将多个变量通过线性变换以选出较少个数重要变量。主成分个数的提取原则是相对应特征值大于 1 的前 m 个主成分。根据此原则,共提取出了 8 个主成分,累计贡献率达 88.49%。其中第 1 主成分(PC1)贡献率是 44.88%,权重最大,第二主成分(PC2)贡献率是 11.58%。第 3—8 主成分贡献率分别是 8.73%、7.33%、4.58%、4.29%、3.82% 和 3.28%,因第 3—8 主成分贡献率较小,所以本文只解释第 1 主成分和第 2 主成分(图 2)。分析表明,不同的处理在 PC 轴上出现了明显的分布差异。在 PC1 轴上,UC 和玉米连作配施秸秆处理(S、SN、SNPK)分布在正方向上,得分系数在 2.39—4.17 之间;NCC、玉米连作单施化肥处理(N、NPK)和 CK 处理分布在负方向上,得分系数在 -5.43—-1.59 之间。在 PC2 轴上,CK 和玉米连作单施化肥处理(N、NPK)主要分布在正方向上,NCC 和 SN 分布在负方向上,而 SNPK、UC 和 S 正负方向都有分布。进一步对主成分进行方差分析可知不同处理在 PC1 和 PC2 上得分系数出现显著差异 ($P < 0.05$)(表 3)。在 PC1 轴上 UC 和 NCC、CK 之间分布差异显著($P < 0.05$),而 NCC 和 CK 比较接近;玉米连作配施秸秆处理(S、SN、SNPK)分布于 PC1 正方向上和 CK 及玉米连作单施化肥(N、NPK)之间分布差异显著($P < 0.05$)。在 PC2 轴上 UC 与玉米连作处理

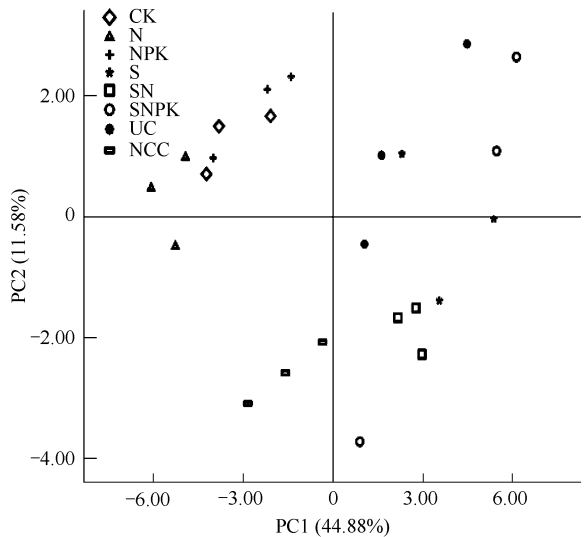


图 2 不同处理土壤微生物碳源利用主成分分析
Fig.2 Principal components analysis for carbon utilization of soil microbial communities in different treatments

表 3 不同处理主成分得分系数
Table 3 The PC scores for different treatments

处理 Treatments	PC1	PC2
CK	-3.38 ± 0.66 bc	1.28 ± 0.29 a
N	-5.43 ± 0.34 c	0.32 ± 0.43 ab
NPK	-2.54 ± 0.77 b	1.79 ± 0.42 a
S	3.75 ± 0.89 a	-0.13 ± 0.70 ab
SN	2.64 ± 0.24 a	-1.82 ± 0.23 bc
SNPK	4.17 ± 1.65 a	-0.00 ± 1.91 ab
UC	2.39 ± 1.06 a	1.13 ± 0.96 a
NCC	-1.59 ± 1.25 b	-2.58 ± 0.29 c

同一列中不同的字母表示差异达到显著水平($P < 0.05$)

(CK、N、NPK、S、SNPK) 之间差异不显著, 但和 NCC 之间差异显著 ($P < 0.05$)。

初始载荷因子反映主成分与碳源利用的相关系数, 载荷因子越高, 表示该碳源对主成分的影响越大。表 4 显示与第一主成分具有较高相关性的碳源有 19 个, 主要包括糖类(6 个)、氨基酸类(3 个)和羧酸类(4 个), 而与第二主成分具有较高相关性的碳源有 6 个, 主要包括糖类(2 个)、聚合物类(3 个)和羧酸类(1 个)。糖类、氨基酸、羧酸类和聚合物是微生物利用的主要碳源。

表 4 31 种碳源的主成分载荷因子
Table 4 Loading factors of principle components of 31 sole-carbon sources

序号 Plate number	碳源类型 Carbon source	PC1	PC2
A2	β-甲基-D-葡萄糖苷(糖类) β-Methyl-D-Glucoside	0.86	-0.07
A3	D-半乳糖酸 γ-内酯(羧酸类) D-Galactonic Acid γ-Lactone	0.81	0.17
A4	L-精氨酸(氨基酸类) L-Arginine	0.73	-0.44
B1	丙酮酸甲酯(其他) Pyruvic Acid Methyl Ester	0.54	-0.14
B2	D-木糖/戊醛糖(糖类) D-Xylose	0.44	0.61
B3	D-半乳糖醛酸(羧酸类) D-Galacturonic Acid	-0.75	0.23
B4	L-天门冬酰胺(氨基酸类) L-Asparagine	0.89	-0.08
C1	吐温 40(聚合物) Tween40	0.56	-0.07
C2	i-赤藓糖醇(糖类) i-Erythritol	-0.64	0.50
C3	2-羟基苯甲酸(羧酸类) 2-Hydroxy Benzoic Acid	0.42	0.28
C4	L-苯丙氨酸(氨基酸类) L-Phenylalanine	0.55	-0.04
D1	吐温 80(聚合物) Tween 80	0.70	-0.53
D2	D-甘露醇(糖类) D-Mannitol	0.85	0.24
D3	4-羟基苯甲酸(羧酸类) 4-Hydroxy Benzoic Acid	0.86	-0.11
D4	L-丝氨酸(氨基酸类) L-Serine	0.78	0.35
E1	α-环式糊精(聚合物) α-Cyclodextrin	-0.28	0.66
E2	N-乙酰-D 葡萄糖氨(糖类) N-Acetyl-D-Glucosamine	0.86	0.26
E3	γ-羟丁酸(羧酸类) γ-Hydroxybutyric Acid	0.60	0.05
E4	L-苏氨酸(氨基酸类) L-Threonine	-0.53	0.26
F1	肝糖(聚合物) Glycogen	0.69	0.52
F2	D-葡萄糖胺酸(羧酸类) D-Glucosaminic Acid	0.37	0.46
F3	衣康酸(羧酸类) Itaconic Acid	-0.26	0.73
F4	甘氨酸-L-谷氨酸(氨基酸类) Glycyl-L-Glutamic Acid	0.58	0.22
G1	D-纤维二糖(糖类) D-Cellobiose	0.79	0.35
G2	1-磷酸葡萄糖(其他) Glucose-1-Phosphate	0.81	-0.17
G3	α-丁酮酸(羧酸类) α-Ketobutyric Acid	-0.01	0.26
G4	苯乙胺(胺类) Phenylethylamine	0.75	-0.03
H1	α-D-乳糖(糖类) α-D-Lactose	0.64	0.29
H2	D,L-α-磷酸甘油(其他) D,L-α-Glycerol Phosphate	0.84	0.21
H3	D-苹果酸(羧酸类) D-Malic Acid	-0.53	0.10
H4	腐胺(胺类) Putrescine	0.80	-0.33

3 讨论

Biolog 方法是基于微生物群落对碳源的利用度来描述微生物功能的动态变化。接种培养的微生物对每种碳源的利用能力不同, 导致微孔板上氧化剂颜色变化深浅不一, 用分析系统测定土壤微生物群落平均颜色变化率(*AWCD*), 就可以得出群落代谢的变化情况^[7]。该方法具有灵敏度高, 无需分离纯培养微生物, 简便、快速等特点。

3.1 种植方式对土壤微生物群落功能多样性的影响

AWCD 的变化曲线符合一般微生物培养的生长规律, 出现适应期、对数期、稳定期等明显阶段^[26]。*AWCD*

反映了土壤微生物利用碳源的能力和代谢活性的大小,其值越高,土壤中微生物群落代谢活性也就越高^[27-28]。本研究结果得出撂荒处理土壤微生物 *AWCD* 高于其它耕作处理,长期耕作加大了对土壤的扰动,破坏土壤结构,未干扰的土壤微生物碳源利用活性显著高于受干扰的土壤^[29]。Lupwayi 研究种植方式对土壤微生物的影响发现长期连作土壤微生物活性下降^[30],可能是因为长期连作改变了土壤微生物区系所致,玉米连作土壤中细菌和真菌数量下降,功能微生物包括氨化细菌、硝化细菌和反硝化细菌也较低^[31]。非玉米连作处理当季种植豆科作物,土壤微生物集中于固氮微生物等优势种群,降低了土壤总体微生物的碳源代谢活性。

物种丰富度(*H*)、均匀度指数(*E*)、优势度指数(*D_s*)和碳源利用丰富度指数(*S*)是表征群落多样性的常用指数。撂荒土壤微生物多样性指数高于其他耕作处理,撂荒降低人为对土壤的干扰,有利于维持土壤团聚体结构,影响微生物的群落结构和微生物量,增强微生物的多样性^[32]。非玉米连作当季作物为豆科,为固氮微生物生长提供有利的生长环境,因此固氮微生物成为优势微生物^[33],从而降低了土壤微生物群落的多样性。

主成分分析解释了不同处理土壤微生物碳源利用是否存在差异^[34]。通过主成分分析表明不同的种植方式土壤微生物的碳源利用能力出现显著差异,土壤微生物群落代谢特征发生改变,种植方式对土壤微生物产生较大影响^[35]。样本在主成分轴上分布和微生物对碳源底物的利用能力相关^[7]。第1主成分解释了大部分的变异,撂荒分布于第1主成分正方向,而玉米连作不施肥和非玉米连作分布在第1主成分负方向上。不同的作物对土壤微生物群落的影响不同^[14]。植被通过影响土壤环境,改变土壤微生物群落,不同植被覆盖的黑土微生物碳源代谢类型发生改变^[36]。土壤团聚体是微生物生长的重要微环境,土壤微生物同土壤团聚体数量及质量之间存在密切联系,土壤团聚体的改变对土壤微生物产生较大影响^[37]。耕作后土壤团聚体数量和直径远小于未耕作的土壤^[17],土壤耕作改变土壤结构进而也影响到土壤微生物群落特征^[30]。

3.2 玉米连作不同的施肥措施对土壤微生物群落功能多样性的影响

施肥是影响土壤微生物生态特征的重要农业措施。农作物秸秆含有大量碳水化合物以及氮、磷、钾等营养元素,秸秆还田具有改善土壤理化性质,补充土壤养分,激发微生物活性等作用^[38]。土壤培肥试验表明,玉米秸秆施入土壤之后,土壤有机质组成和理化性质发生变化,松结合态、联结合态和紧结合态腐殖质的含量增加,土壤的阳离子交换量提高^[39]。短期施用化肥对土壤微生物活性和微生物量影响很小,但长期施用无机氮肥会降低土壤细菌数量和微生物活性^[5]。Sarathchandra 研究发现,长期施用尿素土壤微生物活性下降^[40]。土壤调查和长期定位试验表明,近20a来中国大部分的农田因为大量施用氮肥使土壤pH显著下降^[41],而微生物对此反应敏感。合理的施用肥料尤其是有机肥料和无机肥料配施对改善土壤养分状况和维持土壤微生物活性有明显效果^[42]。

玉米连作下不同的施肥措施明显改变了土壤微生物群落功能多样性,玉米连作配施秸秆处理土壤微生物物种丰富度和均匀度指数显著高于玉米连作施化肥处理。土壤碳库是保持土壤微生物多样性的关键^[43],秸秆是土壤微生物利用的有效能源,秸秆中含有大量易分解的有机物质,容易被微生物利用,添加这类物质可以促进土壤微生物增殖^[44]。单施氮肥土壤微生物优势度指数升高,优势度指数越高,表示群落受优势物种的影响越大,土壤长期加入氮肥,抑制了某些种群微生物的代谢^[40]。

玉米连作下不同的施肥措施土壤微生物的碳源利用类型出现显著差异。玉米连作配施秸秆处理集中于第1主成分正方向,且分布差异不显著,碳源利用方式相近,而玉米连作不施肥和施用化肥处理分布在第1主成分负方向上。土壤有机物质含量和组成的变化可能是影响玉米连作不同施肥处理土壤微生物碳源代谢特征的重要原因之一,作物秸秆含有大量碳水化合物以及氮、磷、钾等营养元素,秸秆施入土壤后,对土壤有机物质的含量和组成有显著影响^[44],土壤微生物群落发生很大变化^[45]。土壤中加入有机物质后,显著提高了氨基糖和单糖等物质的含量,土壤微生物可以利用的碳源趋于稳定^[42]。土壤微生物主要利用的碳源是糖类、氨基酸、羧酸类和聚合物类物质,可作为区分各处理微生物碳源利用类型的依据。

玉米连作对土壤的影响是一个渐变的过程,玉米长期连作同玉米-大豆轮作相比,土壤养分含量差别很

小,但是微生物群落结构发生很大改变^[46]。地上作物和土壤微生物群落之间联系紧密,作物根系分泌物和残留物影响土壤微生物群落的功能和结构^[47]。撂荒可以较好的保持土壤结构、提高土壤含水量,维持较高水平的土壤微生物多样性^[48]。合理的施肥措施和种植方式是维持土壤生态系统可持续发展的保障,玉米连作田可通过有机无机肥料配施或休闲耕作等措施保持土壤微生物群落功能多样性。

4 结论

通过本试验研究可以得出如下结论:

不同处理平均颜色变化率(*AWCD*)呈现出以下变化规律:撂荒(UC) > 非玉米连作(NCC) > 玉米连作不施肥(CK);玉米连作配施秸秆(S、SN、SNPK) > 玉米连作配施 NPK(NPK) > 玉米连作不施肥(CK) > 玉米连作单施 N(N)。72h*AWCD* 显著性分析表明:撂荒显著高于非玉米连作和玉米连作不施肥($P < 0.05$);玉米连作配施秸秆显著提高微生物活性,玉米连作配施秸秆(S、SN、SNPK) *AWCD* 是玉米连作不施肥和单施化肥(N、NPK)的 1.26—1.62 倍。

玉米连作不施肥土壤微生物群落多样性指数(*H*、*E*、*S*)低于撂荒处理,但高于非玉米连作处理,非玉米连作提高了土壤微生物优势度指数。玉米连作配施秸秆土壤微生物物种丰富度指数和均匀度指数高于玉米连作不施肥和玉米连作施化肥,玉米连作单施 N 优势度指数较高,但其它多样性指数降低。

不同处理土壤微生物碳源代谢特征发生分异,撂荒和玉米连作配施秸秆处理集中在第 1 主成分正方向,得分系数在 2.39—4.17 之间,土壤微生物碳源利用特征相似;玉米连作不施肥、玉米连作单施化肥和非玉米连作处理分布在第 1 主成分负方向,得分系数在 -5.43—-1.59 之间。土壤微生物利用的碳源主要是糖类、氨基酸、羧酸类和聚合物。

玉米连作配施秸秆和撂荒有利于提高土壤微生物代谢活性和土壤微生物群落功能多样性,玉米连作单施化肥尤其单施氮肥土壤微生物活性和功能多样性下降。

References:

- [1] Pankhurst C E, Keller K O, Gupta V V S R. Biodiversity of soil microbial communities in agricultural systems. *Biodiversity and Conservation*, 1996, 5(2):197-209.
- [2] Schloter M, Dilly O, Munch J N. Indicators for evaluating soil quality. *Agriculture Ecosystems and Environment*, 2003, 98(1/3):255-262.
- [3] Coleman D C, Crossley D A, Hendrix P F. *Fundamentals of Soil Ecology*. London: Academic Press, 1996:48-77.
- [4] Zelles, Bai Q Y. Signature fatty acids in phospholipids and lipopolysaccharides as indicators of microbial biomass and community structure in agricultural soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 1992, 24(4):317-323.
- [5] Lovella R D, Jarvisa S C, Bardgett R D. Soil microbial biomass and activity in long-term grassland: Effects of management changes. *Soil Biology and Biochemistry*, 1995, 27(7):969-975.
- [6] Steenwertha K L, Jackson L E, Caldero F J, Stromberg M R, Scowd K M. Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(11):1599-1611.
- [7] Garland J L, Mills A. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization. *Applied and Environmental Microbiology*, 1991, 57(8):2351-2359.
- [8] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. *Plant and Soil*, 1995, 170(1):75-86.
- [9] Hai L, Li X G, Suo F M L R, Guggenberger G. Long-term fertilization and manuring effects on physically-separated soil organic matter pools under a wheat-maize cropping system in an arid region of China. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(2):253-259.
- [10] Fauci M F, Dick R P. Soil microbial dynamics: short and long-term effects of inorganic and organic nitrogen. *Soil Science Society of America*, 1994, 58:801-806.
- [11] Marschner P, Kandeler E, Marschner B. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(3):453-461.
- [12] Hooker B A, Morris T F, Peters R, Cardon Z G. Long-term effects of tillage and corn stalk return on soil carbon dynamics. *Soil Science Society of America*, 2005, 69(1):188-196.
- [13] O'Donnell A G, Seasman M, Macrae A, Waite I, Davies J T. Plants and fertilisers as drivers of change in microbial community structure and function in soils. *Plant and Soil*, 2001, 232(1/2):135-145.

- [14] Buenemann E K, Bossio D A, Smithson P C, Frossard E, Oberson A. Microbial community composition and substrate use in a highly weathered soil as affected by crop rotation and P fertilization. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, 36(6): 889-901.
- [15] Nayyar A, Hamel C, Lafond G, Gossen B D, Hanson K, Germida J. Soil microbial quality associated with yield reduction in continuous-pea. *Applied Soil Ecology*, 2009, 43(1): 115-121.
- [16] Yusuf A A, Abaidoo R C, Iwuafor E N O, Olufajo O O, Sangina N. Rotation effects of grain legumes and fallow on maize yield, microbial biomass and chemical properties of an alfisol in the Nigerian savanna. *Agriculture Ecosystems and Environment*, 2009, 129(1/3): 325-331.
- [17] Franzluebbers A J, Arshad M A. Water-stable aggregation and organic matter in four soils under conventional and zero tillage. *Canadian Journal of Soil Science*, 1996, 76(3): 387-393.
- [18] Franzluebbers A J, Arshad M A. Soil microbial biomass and mineralizable carbon of water-stable aggregates. *Soil Science Society of America Journal*, 1997, 61(4): 1090-1097.
- [19] Lu L P, Yang S, Liu Z Q, Shen H B. Consideration for the construction of golden maize belt in the northeast. *Journal of Maize Sciences*, 2008, 16(3): 134-136.
- [20] Wang Y, Qi X N, Liu Z Y, Li Z X. Effect of long-term continuous cropping of corn on soil fertility of black soil and its evaluation — A case study of Dehui City. *Soils*, 2008, 40(3): 495-499.
- [21] Ussiri D A N, Lal R. Long-term tillage effects on soil carbon storage and carbon dioxide emissions in continuous corn cropping system from an alfisol in Ohio. *Soil and Tillage Research*, 2009, 104(1): 39-47.
- [22] Liu X, Herbert S J, Hashemi A M, Zhang X, Ding G. Effects of agricultural management on soil organic matter and carbon transformation — a review. *Plant Soil and Environment*, 2006, 52(12): 531-543.
- [23] Clapp C E, Allmaras R R, Layeseb M F, Linden D R, Dowdy R H. Soil organic carbon and ^{13}C abundance as related to tillage, crop residue, and nitrogen fertilization under continuous corn management in Minnesota. *Soil and Tillage Research*, 2000, 55(3/4): 127-142.
- [24] Lu R K, Analytical Method of Soil Agro-chemistry. Beijing: Chinese Agriculture Science and Technology Press, 2000: 106-152.
- [25] Zabinski C A, Gannon J E. Effects of recreational impacts on soil microbial communities. *Environmental Management*, 1997, 21(2): 233-238.
- [26] Sheng P. Microbiology. Beijing: Science Press, 2000: 130-136.
- [27] Konopka A, Oliver L, Turco R F. The use of carbon substrate utilization patterns in environmental and ecological microbiology. *Microbial Ecology*, 1998, 35(2): 103-115.
- [28] Garland J L. Analysis and interpretation of community level physiological profiles in microbial ecology. *Microbial Ecology*, 1997, 24(4): 289-300.
- [29] Zabinski C A, Gannon J E. Effects of recreational impacts on soil microbial communities. *Environmental Management*, 1997, 21(2): 233-238.
- [30] Lupwayi N Z, Rice W A, Clayton G D. Soil microbial biomass and carbon dioxide flux under wheat as influenced by tillage and crop rotation. *Canadian Journal of Soil Science*, 1999, 79(2): 273-280.
- [31] Sun S R, Wu H G, Liu C G, Zhang G Z. Effects of long-term continuous cropping of corn on microbial community in middle agricultural area. *Journal of Maize Sciences*, 2004, 12(4): 67-69.
- [32] Lupwayi N Z, Arshad M A, Rice W A, Clayton G W. Bacterial diversity in water-stable aggregates of soils under conventional and zero tillage management. *Applied Soil Ecology*, 2001, 16(3): 251-261.
- [33] Perret X, Staehelin C, Broughton W J. Molecular basis of symbiotic promiscuity. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2000, 64(1): 180-201.
- [34] Juliet P M, Lynne B, Randerson P F. Analysis of microbial community functional diversity using sole- carbon- source utilization profiles — a critique. *Microbiology Ecology*, 2002, 42(1): 1-14.
- [35] Cooksona W R, Daniel V M, Margaret M R. Characterizing the relationships between soil organic matter components and microbial function and composition along a tillage disturbance gradient. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(3): 763-777.
- [36] Meng Q J, Xu Y L, Li C J, Han X Z, Pei X C. Effects of different vegetation coverage on microbial functional diversity in black soil. *Chinese Journal of Ecology*, 2008, 27, 1134-1140.
- [37] Chan K Y, Heenan D P. Microbial-induced soil aggregate stability under different crop rotations. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 30(1/2): 29-32.
- [38] Deboza K, Peter H R, Pedersena A R. Temporal variations in microbial biomass C and cellulolytic enzyme activity in arable soils: effects of organic matter input. *Applied Soil Ecology*, 1999, 13(3): 209-218.
- [39] Wu J G, Wang M H, Jiang Y M, Jiang W, Wen S J. Effect of corn plant residue on soil building. *Acta Pedologica Sinica*, 2006, 43(2): 300-305.
- [40] Sarathchandra S U, Ghanian A, Yeatesb G W, Burcha G, Coxa N R. Effect of nitrogen and phosphate fertilisers on microbial and nematode diversity in pasture soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(7): 953-964.

- [41] Guo J H, Liu X J, Zhang Y, Shen J L, Han W X, Zhang W F, Christie P, Goulding K W T, Vitousek P M, Zhang F S. Significant acidification in major Chinese croplands. *Science*, 2010, 327:1008-1010.
- [42] Luo X Q, Hao X H, Chen T, Deng C J, Wu J S, Hu R G. Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(2): 740-748.
- [43] Degens B P, Schipper L A, Sparling G P, Vukovica M V. Decreases in organic reserves in soils can reduce the catabolic diversity of soil microbial communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, 32(2):189-196.
- [44] Mubarak A R, Rosenani A B. Soil organic matter fractions in humid tropics as influenced by application of crop residues. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2003, 34(7/8): 933-943.
- [45] Marschner P, Kandeler E, Marschner B. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35: 453-461.
- [46] Govaerts B, Mezzalama M, Unno D Y, Sayre K D, Marco L G, Vanherck K, Dendooven L, Deckers J. Influence of tillage, residue management, and crop rotation on soil microbial biomass and catabolic diversity. *Applied Soil Ecology*, 2007, 37 (1/2):18-30.
- [47] Salles J F, Veen J A V, Elsas J D V. Multivariate analyses of Burkholderia species in soil: effect of crop and land use history. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, 70 (7):4012-1020.
- [48] Saggar S, Yeates G W, Shepherd T G. Cultivation effects on soil biological properties, microfauna and organic matter dynamics in Eutric Gleysol and Gleyic Luvisol soils in New Zealand. *Soil and Tillage Research*, 2001, 58(1/2):55-68.

参考文献:

- [19] 路立平, 杨双, 刘志全, 沈海波. 建设东北黄金玉米带的思考. *玉米科学*, 2008, 16(3):134-136.
- [20] 王洋, 齐晓宁, 刘兆永, 李泽兴. 黑土区长期连作玉米农田土壤肥力变化及其评价——以德惠市为例. *土壤*, 2008, 40(3):459-499.
- [24] 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: 106-152.
- [26] 沈萍. 微生物学. 北京: 科学出版社, 2000: 130-136.
- [31] 孙淑荣, 吴海燕, 刘春光, 张桂芝. 玉米连作对中部农区主要土壤微生物区系组成特征影响的研究. *玉米科学*, 2004, 12 (4):67-69.
- [36] 孟庆杰, 许艳丽, 李春杰, 韩晓增, 裴希超. 不同植被覆盖对黑土微生物功能多样性的影响. *生态学杂志*, 2008, 27, 1134-1140.
- [39] 吴景贵, 王明辉, 姜亦梅, 吴江, 温善菊. 玉米植株残体培肥土壤的研究. *土壤学报*, 2006, 43 (2):300-305.
- [42] 罗希茜, 郝晓晖, 陈涛, 邓婵娟, 吴金水, 胡荣桂. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响. *生态学报*, 2009, 29(2): 740-748.

2008 年度生物学科总被引频次和影响因子前 10 名期刊★

(源于 2009 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	8956	1	生态学报	1.669
2	应用生态学报	7979	2	植物生态学报	1.656
3	植物生态学报	3742	3	应用生态学报	1.632
4	西北植物学报	3584	4	生物多样性	1.474
5	JOURNAL OF INTEGRATIVE PLANT BIOLOGY	3460	5	生态学杂志	1.276
6	植物生理学通讯	3187	6	植物学通报	1.058
7	生态学杂志	3148	7	西北植物学报	1.046
8	遗传学报	2142	8	植物生理与分子生物学 学报	1.034
9	植物生理与分子生物学学报	1855	9	遗传学报	0.887
10	昆虫学报	1580	10	遗传	0.835

★《生态学报》2008 年在核心版的 1868 种科技期刊排序中总被引频次 8956 次,全国排名第 2;影响因子 1.669,全国排名第 14;第 1~8 届连续 8 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 30 卷 第 22 期 (2010 年 11 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 30 No. 22 2010

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@cspg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.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