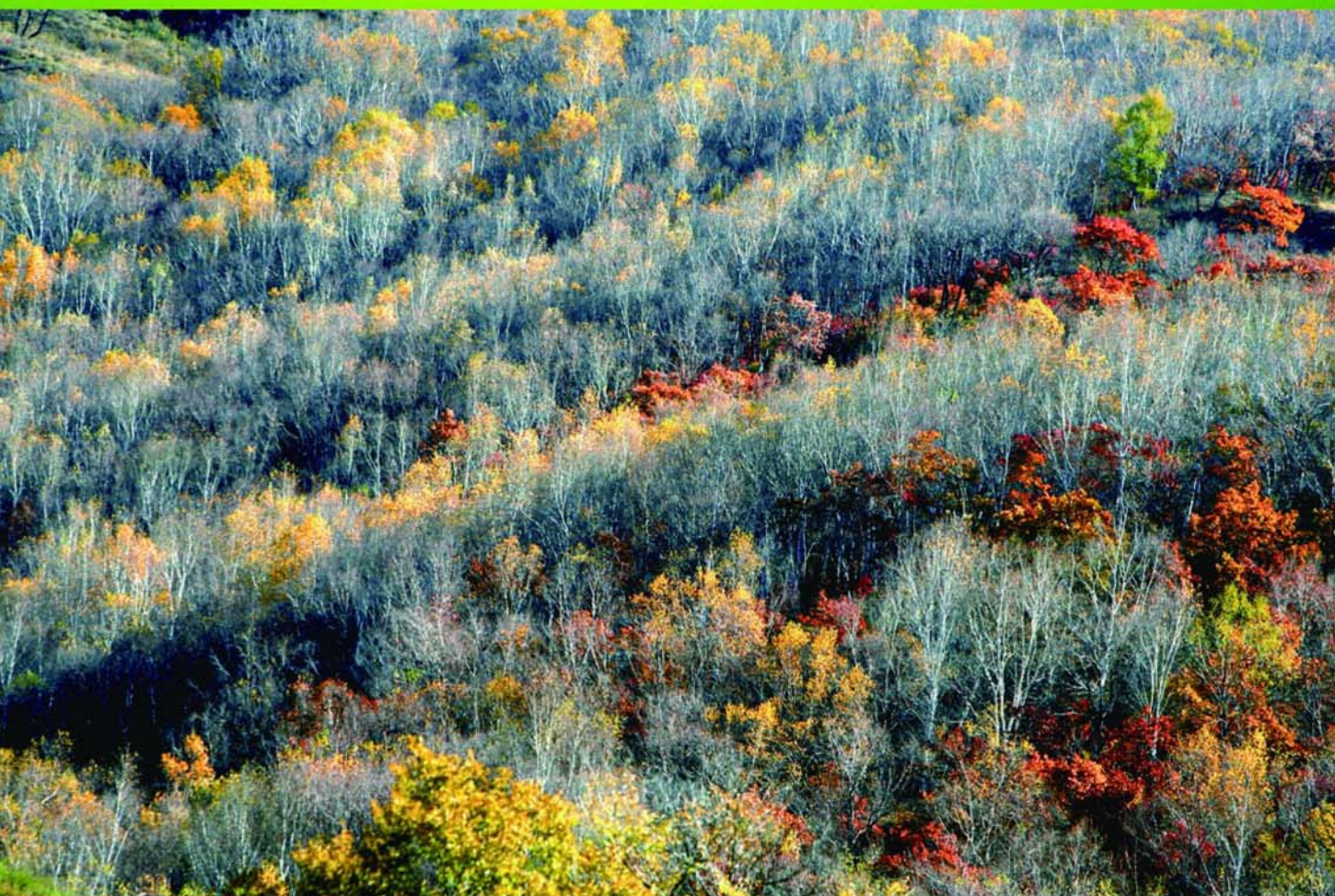


ISSN 1000-0933

CN 11-2031/Q

生态学报

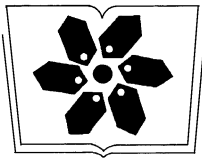
Acta Ecologica Sinica



第31卷 第16期 Vol.31 No.16 **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 16 期

2011 年 8 月 (半月刊)

目次

人工和天然湿地芦苇根际土壤细菌群落结构多样性的比较·····	汪仲琼,王为东,祝贵兵,等 (4489)
不同土壤水分下山杏光合作用光响应过程及其模拟·····	郎莹,张光灿,张征坤,等 (4499)
不同颜色遮阳网遮光对丘陵茶园夏秋茶和春茶产量及主要生化成分的影响·····	秦志敏,付晓青,肖润林,等 (4509)
镉胁迫对烟草叶激素水平、光合特性、荧光特性的影响·····	吴坤,吴中红,邵付菊,等 (4517)
条浒苔和缘管浒苔对镉胁迫的生理响应比较·····	蒋和平,郑青松,朱明,等 (4525)
盐胁迫对拟南芥和盐芥莲座叶芥子油苷含量的影响·····	庞秋颖,陈思学,于涛,等 (4534)
长期双季稻绿肥轮作对水稻产量及稻田土壤有机质的影响·····	高菊生,曹卫东,李冬初,等 (4542)
基于水量平衡下灌区农田系统中氮素迁移及平衡的分析·····	杜军,杨培岭,李云开,等 (4549)
苏北海滨湿地互花米草种子特征及实生苗生长·····	徐伟伟,王国祥,刘金娥,等 (4560)
基于 AnnAGNPS 模型的三峡库区秭归县非点源污染输出评价·····	田耀武,黄志霖,肖文发 (4568)
镉污染对不同生境拟水狼蛛氧化酶和金属硫蛋白应激的影响·····	张征田,庞振凌,夏敏,等 (4579)
印度洋南赤道流区水体叶绿素 a 的分布及粒级结构·····	周亚东,王春生,王小谷,等 (4586)
长江口滩涂围垦后水鸟群落结构的变化——以南汇东滩为例·····	张斌,袁晓,裴恩乐,等 (4599)
应用鱼类完整性指数 (FAII) 评价长江口沿岸碎波带健康状况·····	毛成贵,钟俊生,蒋日进,等 (4609)
基于渔业调查的南极半岛北部水域南极磷虾种群年龄结构分析·····	朱国平,吴强,冯春雷,等 (4620)
水稻模型 ORYZA2000 在湖南双季稻区的验证与适应性评价·····	莫志鸿,冯利平,邹海平,等 (4628)
旱地农田不同耕作系统的能量/碳平衡·····	王小彬,王燕,代快,等 (4638)
宁夏黄灌区稻田冬春休闲期硝态氮淋失量·····	王永生,杨世琦 (4653)
太湖沉积物有机碳与氮的来源·····	倪兆奎,李跃进,王圣瑞,等 (4661)
日偏食对乌鲁木齐空气可培养细菌群落的影响·····	马晶,孙建,张涛,等 (4671)
灰飞虱与褐飞虱种内和种间密度效应比较·····	吕进,曹婷婷,王丽萍,等 (4680)
圈养马来熊行为节律和时间分配的季节变化·····	兰存子,刘振生,王爱善,等 (4689)
塔里木荒漠河岸林干扰状况与林隙特征·····	韩路,王海珍,陈加利,等 (4699)
珍稀植物伯乐树一年生更新幼苗的死亡原因和保育策略·····	乔琦,秦新生,邢福武,等 (4709)
垃圾堆肥复合菌剂对干旱胁迫下草坪植物生理生态特性的影响·····	多立安,王晶晶,赵树兰 (4717)
CLM3.0-DGVM 中植物叶面积指数与气候因子的时空关系·····	邵璞,曾晓东 (4725)
基于生态效率的辽宁省循环经济分析·····	韩瑞玲,佟连军,宋亚楠 (4732)
专论与综述	
土壤食物网中的真菌/细菌比率及测定方法·····	曹志平,李德鹏,韩雪梅 (4741)
生态社区评价指标体系研究进展·····	周传斌,戴欣,王如松,等 (4749)
问题讨论	
不同胁迫条件下化感与非化感水稻 PAL 多基因家族的差异表达·····	方长甸,王清水,余彦,等 (4760)
研究简报	
钦州湾大型底栖动物生态学研究·····	王迪,陈丕茂,马媛 (4768)
人工恢复黄河三角洲湿地土壤碳氮含量变化特征·····	董凯凯,王惠,杨丽原,等 (4778)
基于地统计学丰林自然保护区森林生物量估测及空间格局分析·····	刘晓梅,布仁仓,邓华卫,等 (4783)
晋西黄土区辽东栎、山杨树干液流比较研究·····	隋旭红,张建军,文万荣 (4791)
小兴安岭典型苔草和灌木沼泽 N ₂ O 排放及影响因子·····	石兰英,牟长城,田新民,等 (4799)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 316 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 35 * 2011-08



封面图说:在长白山麓低海拔地区的晚秋季节,成片的白桦林用无数根白色的树干、树枝烘托着林冠上跳动的金黄色叶片,共生的柞木树冠用更浓重的颜色显示了它的存在,整个山梁层林尽染,秋意浓浓。

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

汪仲琼, 王为东, 祝贵兵, 尹澄清. 人工和天然湿地芦苇根际土壤细菌群落结构多样性的比较. 生态学报, 2011, 31 (16): 4489-4498.

Wang Z Q, Wang W D, Zhu G B, Yin C Q. A comparative study on the diversity of rhizospheric bacteria community structure in constructed wetland and natural wetland with reed domination. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31 (16): 4489-4498.

人工和天然湿地芦苇根际土壤细菌群落 结构多样性的比较

汪仲琼^{1,2}, 王为东^{1,*}, 祝贵兵¹, 尹澄清¹

(1. 中国科学院生态环境研究中心 环境水质学国家重点实验室, 北京 100085; 2. 中国科学院研究生院, 北京 100049)

摘要:为认识人工湿地运行初期根际土壤细菌群落的结构多样性,采用聚合酶链式反应-变性梯度凝胶电泳(PCR-DGGE)的方法,比较了嘉兴石臼漾人工构筑生态湿地和白洋淀天然湿地府河河口区域芦苇根际土壤的细菌群落结构多样性。研究结果显示,嘉兴石臼漾湿地在运行初期(1—1.5 a),根际土壤细菌的物种丰富度已与白洋淀湿地相近,但香农指数和均匀度指数均显著低于白洋淀湿地;随着污染物浓度的降低,土壤细菌群落基因型多样性指数增大。

关键词:嘉兴石臼漾湿地; 白洋淀; 芦苇湿地; 多样性指数; PCR-DGGE

A comparative study on the diversity of rhizospheric bacteria community structure in constructed wetland and natural wetland with reed domination

WANG Zhongqiong^{1,2}, WANG Weidong^{1,*}, ZHU Guibing¹, YIN Chengqing¹

1 State Key Laboratory of Environmental Aquatic Chemistry, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China

2 Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

Abstract: Shijiuyang wetland, a large scale water treatment system, has been put into operation since July 2, 2008, aiming to improve the quality of micropolluted drinking source water in Jiaxing City. The wetland covers 110 ha and adopted an innovative root channel purification technology promoting the rapid formation of soil macropores at its initial operation stage. In order to evaluate the development of specific soil microbes, the rhizospheric bacterial community diversity was examined in two zones of Shijiuyang wetland. The diversity was compared with that of a natural wetland-Baiyangdian Lake, which had a similar ecological structure.

The diversity of bacterial community in soil samples was characterized and compared by denaturing gradient gel electrophoreses (DGGE) analysis of polymerase chain reaction (PCR)-amplified bacterial 16S rRNA genes. Each band detected by Quantity One software was taken as an “operational taxonomic unit” (OTU). Genotypic diversity indexes based on a comparison of combined PCR-DGGE fingerprint patterns were used to assess the bacterial community diversity. In addition, soil property and water quality were analyzed in both wetlands. Multivariate statistical analyses were conducted to compare the similarities between the bacterial communities in both wetlands and to examine the relationships between soil characteristics and bacterial community diversity.

It was found that the rhizospheric bacterial community of Shijiuyang wetland at first one-year operation stage had a close genotypic richness (*S*) in comparison with that of Baiyangdian Lake natural wetland. This reflected a rapid increase of

基金项目:国家重点基础研究发展计划资助(2009CB421103);国家自然科学基金资助项目(40701086,50639070);国家水体污染控制与治理科技重大专项课题(2008ZX07421-001,2008ZX07101-006-08)

收稿日期:2010-07-06; 修订日期:2011-01-05

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wdwangh@yahoo.com

bacteria species in Shijiuyang wetland. Nonetheless, the bacterial evenness index (J) and Shannon index (H') in Shijiuyang wetland were significantly lower than those of natural wetland. It was suggested that Shijiuyang wetland would take a long time to form a stable and balanced bacterial community structure pattern. One-way analysis of variance (ANOVA) showed that both wetlands had significant difference in Shannon index ($P=0.003$) and evenness index ($P=0.001$), but not in genotypic diversity. Dendrogram was derived according to Ward's hierarchical cluster analysis to classify the sampling stations in both wetlands. The dendrogram based on soil properties indicated that the sampling stations from the same wetland were closer to each other, and the stations from different wetlands were separated distinctly. In spite of that, the dendrogram based on soil bacterial genotypic diversity indexes showed a different grouping pattern. Sampling stations with relatively better water quality in Baiyangdian Lake wetland exhibited the highest level of bacterial genotypic diversity indexes, which was separated as a single branch, then followed by the other three stations in both wetlands. Baiyangdian Lake is severely contaminated as opposed to Shijiuyang wetland. Even so, the bacterial genotypic diversity showed a considerable degree of spatial variation in Baiyangdian Lake. Therefore the bacterial community diversity might be subjected to the coupled effects of pollution gradients and wetland succession period. The complex determining mechanisms need further studies.

Finally, the relationships between soil properties and bacterial community diversities were further examined by multivariate statistical analyses. It was suggested that the genotypic diversity indexes of rhizospheric bacteria would increase with the decrease of pollutant concentrations in Baiyangdian Lake. Regression analyses revealed that, of all soil variables examined, the soil bacterial diversities were significantly related to soil total nitrogen (STN). The corresponding linear expressions were as follows, $S = 22.98 + 3.11 \times \text{STN}$ ($P = 0.0993$), $J = 0.78 + 0.066 \times \text{STN}$ ($P = 0.0455$), $H' = 2.44 + 0.31 \times \text{STN}$ ($P = 0.0334$). However there was no clear relationship between the bacterial diversities and other soil characteristics.

Key Words: Shijiuyang constructed wetland in Jiaxing City; Baiyangdian Lake; reed-dominated wetlands; genotypic diversity indexes; PCR-DGGE

人工湿地技术在水源地生态环境修复和水体污染控制中广泛应用^[1-3],而微生物活性被认为是人工湿地技术去除污染物的基石^[4],为有效研究微生物在湿地物质化学循环和污染物降解过程中的作用,有必要对湿地土壤微生物群落结构及其多样性进行比较分析。

基于聚合酶链式反应 (polymerase chain reaction, PCR) 技术的变性梯度凝胶电泳 (denaturing gradient gel electrophoreses, DGGE) 是一种高通量考查微生物群落结构多样性的分子指纹图谱方法。该方法的分辨率不高,能检测出占微生物群落总数 1% 以上的种^[5-6],但其对于不同土壤细菌群落结构多样性的表征总是呈比例变化^[7-9],因此, DGGE 分子指纹图谱可在一定程度上反映土壤细菌群落结构多样性的差异。

针对人工湿地根际土壤微生物已有相关研究^[10-13],但对于不同湿地系统以及湿地的不同演替阶段微生物群落结构及其多样性变化关系尚缺乏相关定论^[4, 14-15],尤其针对大规模的城市饮用水水源地生态保护湿地其初期演替阶段水生植物根际土壤细菌群落结构多样性的调查研究更是未见报道。因此,本研究以嘉兴市石臼漾水源地保护湿地(以下简称嘉兴石臼漾湿地)为例,应用 PCR-DGGE 分子指纹图谱比较研究了运行初期嘉兴石臼漾湿地和天然湿地(白洋淀府河河口湿地,以下简称白洋淀湿地)芦苇根际细菌群落结构多样性和相似性。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

石臼漾湿地位于嘉兴市西北角,地理位置为 $N30^{\circ}46'$, $E120^{\circ}41' - 120^{\circ}42'$,是为解决嘉兴市的饮用水水源地水质问题而建设的生态型水质净化湿地系统,总占地规模 108.7 hm^2 ,其中陆地面积 45.4 hm^2 ,水域面积

63.3 hm²。嘉兴石臼漾湿地于 2008 年 7 月开始试运行,至 2009 年 6 月正式投入运行,目前整个湿地系统运行良好。湿地内水生植物多样性呈快速增加趋势,以芦苇(*Phragmites australis* Trin.)作为优势种或次优势种的群丛其覆盖率占水生植物总覆盖率的 62%。嘉兴市地处亚热带季风区,年平均气温 15.9℃,年平均降雨量 1179 mm。

白洋淀地处冀中凹陷,是处于发育后期的草型高度富营养化浅水湖泊湿地。地理位置是 N38°43′—39°02′,E115°38′—116°07′,淀区总面积 366 km²(水面大沽高程 10.5 m)。在全淀范围内,以芦苇(*Phragmites australis* var. *baiyangdiansis*)植被为景观特征的水陆交错带约占 36%。白洋淀处于东部季风区暖温带半干旱区,大陆性气候特点显著,年平均气温 12.1℃,年均降水量 522.7 mm。

1.2 研究方法

于 2009 年 9 月,对白洋淀湿地安新县境内的府河河口地区和嘉兴石臼漾湿地各功能区的水质进行常规采样分析,现场测定水温(*t*)、溶解氧(DO)、pH 等水体常规指标。采集后的水样用野外便携保温箱临时冷藏储存,并尽快运回实验室,在 4℃下冷藏保存,于 48 h 内测定总氮(TN)、总磷(TP)。

2009 年 9 月 28 日,采集白洋淀湿地采样点编号为 S1 和 S5 的芦苇根际土壤,白洋淀位置示意图和具体采样点编号见参考文献^[16]。2009 年 9 月 21 日,采集嘉兴石臼漾湿地北区和南区采样点编号分别为 JX1 和 JX2 的植物床上的芦苇根际土壤,嘉兴石臼漾湿地平面布置及具体分区示意图见图 1。每个试验样方用 5 cm 直径取土钻沿“之”字形线等距离随机取 3 个土柱,按照表层(0—10 cm)、中层(20—30 cm)和底层(40—50 cm)分别混合为 3 个土壤样品,将混合后的土壤样品装入封口袋内,置于冰上利用便携式保温箱运回实验室进行

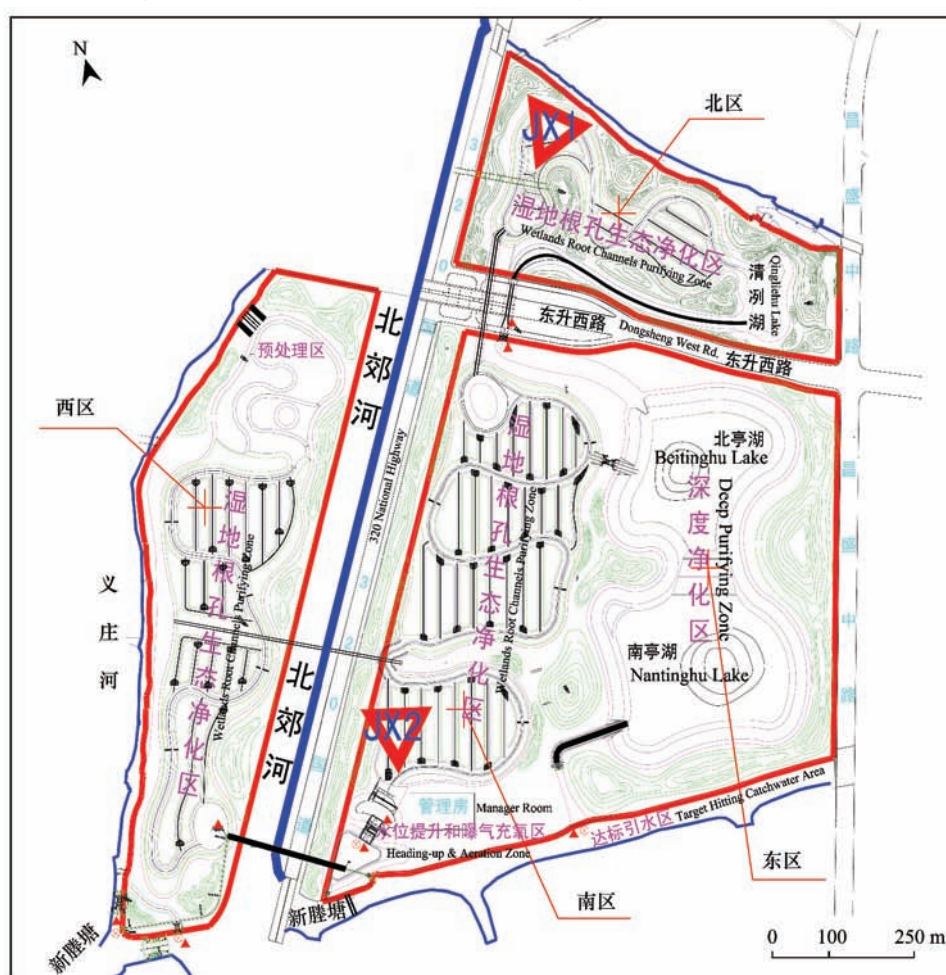


图1 嘉兴石臼漾湿地平面布置和分区示意图

Fig. 1 Plan view and zoning diagram of Shijiuyang wetland in Jiaxing City

分析。由于芦苇根状茎尤其是水平根状茎在土壤中层较为发达且分布较密,因此本文选取中层土壤样品进行细菌群落结构多样性研究,其余土层样品用于土壤酶等其他研究。

1.2.1 基本理化指标的测定

水样常规指标采用 YSI 美国维赛仪器公司出品的 YSI6600 主导型多参数水质监测仪进行现场测定。水体 TN、TP 采用过硫酸钾氧化-紫外分光光度法测定;氨态氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)采用纳氏试剂分光光度法测定。土壤全碳(STC)和全氮(STN)含量由元素分析仪(德国 Elementar 公司)测定;土壤 pH 由 IQ150 土壤原位 pH 计测得。

1.2.2 土壤 DNA 提取

用 FastDNA Spin Kit for Soil 试剂盒(Qbiogene, Carlsbad, CA)提取土壤中的 DNA,提取的土壤 DNA 的纯度和产量用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。电泳显示 DNA 片段分子量大于 20000 bp,表明已获得较大片段的土壤微生物 DNA。

1.2.3 16S rDNA 基因 V6—V8 区域的扩增

(1)细菌引物选用了 5'端带有 40-bp GC 夹(GC-clamp)的通用引物 954f(GCA CAA GCG GTGGAG CAT GTG G)和 1369r(GCC CGG GAA CGT ATT CAC CG),GC 发卡结构为(5'-CGC CCG CCG CGC GCG GCG GCG GCG GCG GCG GCA CGG GGG G-3'),其扩增产物片段长度约为 456 bp^[17]。扩增所用仪器为 Bio-Rad i Cycle 基因扩增仪。

(2)扩增反应体系成分(50 μL)组成:1 $\times$ PCR 缓冲液,1.5 mmol/L MgCl_2 ,0.8 mmol/L dNTPs 0.4 $\mu\text{mol/L}$ 的正反向引物,2.5 U Taq DNA 聚合酶,1.0 $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ 牛血清蛋白(Bovin serum albumin, BSA),1—10 ng 土壤 DNA。

(3)PCR 反应条件:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;10 个循环的 touchdown PCR(94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 60 s,65 $^{\circ}\text{C}$ 到 55 $^{\circ}\text{C}$ (每个循环退火温度降低 1 $^{\circ}\text{C}$) 退火 60 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 3 min);15 个循环的常规 PCR(94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 1 min,55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 60 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 3 min);72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。PCR 反应产物的纯度和产量用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。

1.2.4 变性梯度凝胶电泳(DGGE)

变性梯度凝胶电泳所用仪器为 DCode Universal Mutation Detection System(Bio-Rad, Hercules, USA),所用聚丙烯酰胺胶(丙烯酰胺:甲叉双丙烯 37.5:1)的浓度为 6% (上海生工生物工程技术有限公司),变性梯度范围为 35%—60% (100% 的变性剂中含有 40% 的去离子甲酰胺和 7 mol/L 的尿素),上样量为 PCR 产物 200 ng。DGGE 运行条件为:在 1 $\times$ TAE 缓冲液中,60 $^{\circ}\text{C}$ 条件下,100 V 运行 8 h。电泳完成后,用 1:10000 的 SYBR Green Nucleic Acid Gel Stain (Invitrogen, Eugene, USA) 染色 30 min,用 Gel Documentation System (Syngene, Frederick, USA) 观测电泳结果并照像。

1.3 数据处理和统计分析

文中数据统计分析采用 SPSS 16.0 和 SAS 9. x 进行。方差分析采用广义线性模型(GLM)的 ANOVA 和新复极差法多重比较(Duncan 法)。除非特别说明,所有统计学显著水平指 $\alpha=0.05$ 。基因型多样性指数^[18]根据 DGGE 分子指纹图谱,由 Quantity One(Bio-Rad, Hercules, USA) 软件比较电泳条带的迁移率、灰度及条带数量得到。具体为:①基因型丰富度(genotypic richness, S)是每个样品条带类型(OTU)的数目;②香农多样性指数(Shannon index, H'): $H' = -\sum p_i \ln(p_i)$,其中 p_i 是由 Quantity One 软件测得的条带相对亮度;③均匀度指数(evenness index, J): $J = H'/H_{\max}$,其中 $H_{\max} = \ln S$ 。细菌群落结构的聚类分析采用 The complete linkage 算法,由 Quantity One 软件实现。基于土壤理化指标和细菌群落多样性指数的分层聚类采用离差平方和法(Ward 法)得到。

2 结果与分析

2.1 基本理化性质

2.1.1 湿地地表水环境质量

表 1 以 2 个采样点理化数据的均值代表湿地水体的理化环境。地处南方的嘉兴石臼漾湿地其水温高出

地处北方的白洋淀湿地约 2 °C ($P=0.0005$)。白洋淀湿地水体 pH 值较嘉兴石臼漾湿地高出 0.6—0.8 个单位 ($P<0.0001$)。根据《地表水环境质量评价有关问题的技术规定(暂行)》(总站综字[2004]72 号)中的规定,白洋淀湿地府河河口地区属于重度污染地区,即地表水环境质量标准(GB 3838—2002)中的劣 V 类水质,其水体 TN、TP、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 浓度显著高于嘉兴石臼漾湿地微污染源水的相应浓度(平均为 IV 类水质),前者分别是后者的 6.5 倍、5.1 倍和 19.4 倍左右。但是白洋淀湿地水体的 DO 浓度较高,最小值为 4.92 mg/L,高于嘉兴石臼漾湿地的最大水平(4.70 mg/L),平均值为 9.12 mg/L(饱和度 121%),最大值达到 14.83 mg/L(饱和度 197%),而嘉兴石臼漾湿地的 DO 水平较低,其最低浓度为 1.80 mg/L,平均浓度为 3.45 mg/L(饱和度 47.3%)。综合比较两个湿地水体中 DO 和 pH 值的差异,这可能与白洋淀湿地水体中含有大量沉水植物、浮游植物有关,这些植物的光合作用产氧是白洋淀湿地水体 DO 浓度较高的基本原因。根据王为东等人^[16]的研究,采样点 S1 距离白洋淀湿地府河入淀口最近,处于污染较重的河口区域,S5 点位于中间过渡缓冲区域,经过淀区内大量分布的芦苇型水陆交错带的截留和净化,采样点 S5 的水质状况明显优于 S1。嘉兴石臼漾湿地北区和南区 2 个采样点 JX1 和 JX2 间空间跨度相对较小(1 km),且湿地过水属微污染源水,因此,2 个采样点的整体水质条件差别不大。

表 1 研究区域主要水质指标

Table 1 Properties of water samples from study sites

研究区域 Study sites	统计值 Statistics value	水温 t/°C	pH	溶解氧 DO/(mg/L)	总氮 TN/(mg/L)	总磷 TP/(mg/L)	氨态氮 $\text{NH}_4^+\text{-N}/(\text{mg/L})$
白洋淀湿地	平均值 Mean	30.13b	7.96a	9.12a	12.31a	0.81a	5.64a
Baiyangdian wetland	极小值 Minimum	30.00	7.62	4.92	9.03	0.54	2.29
($n=4$)	极大值 Maximum	30.30	8.33	14.83	15.02	1.07	9.07
嘉兴石臼漾湿地	平均值	32.35a	7.31b	3.45b	1.89b	0.16b	0.29b
Shijiyang wetland in	极小值	31.50	7.00	1.80	1.64	0.12	0.17
Jiaxing City($n=51$)	极大值	33.40	7.50	4.70	2.34	0.18	0.48

同一列中平均值右上角具有相同字母表示差异不显著

2.1.2 湿地土壤性质

白洋淀湿地和嘉兴石臼漾湿地中层土壤理化性质有较大差异。白洋淀淀区土壤以沼泽土为主,成土母质为湖相沉积物,属偏碱性土,pH 值在 8.1 左右,高于嘉兴石臼漾湿地。白洋淀土壤肥沃,土质黏重,土壤中有有机质含量较高,表 2 显示 S1、S5 2 个采样点土壤全氮、全碳含量明显高于嘉兴石臼漾湿地,这也与水质规律相一致。值得注意的是,白洋淀湿地土壤不仅其氮和碳的绝对含量高于嘉兴石臼漾湿地,而且其 C/N 比也要高出石臼漾湿地不少,特别是在更靠近污染较重的府河河口地区的 S1 点,相对于氮素而言,土壤有机质(碳素)在湿地中发生了明显的累积。

表 2 研究区域中层土壤(20—30 cm)基本理化性质

Table 2 Properties of soil samples in the top 20 cm to 30 cm layer of study sites

样地编号 Plot	pH	全碳 STC/(g/kg)	全氮 STN/(g/kg)	C/N
S1	8.16	20.95	1.06	19.67
S5	8.09	18.55	1.45	12.83
JX1	7.68	8.85	0.71	12.39
JX2	7.69	3.24	0.50	6.53

2.2 细菌群落结构多样性比较

白洋淀湿地和嘉兴石臼漾湿地芦苇根际土壤细菌群落的 DGGE 分子指纹图谱如图 2 所示,每个采样点设 2 个平行。采用凝胶图像分析系统对 DGGE 分子指纹图谱进行分析,4 个土壤样品共有 31 种不同的 OTU(条带类型),表明细菌的种类较为丰富;各采样点泳道中条带数目变化幅度不大,其中大部分条带在所有样品中均有出现,但不同湿地的样品之间也存在一些差异,嘉兴石臼漾湿地 JX1 和 JX2 2 个采样点的条带主要分布

在低变性浓度范围内,且优势条带明显,而白洋淀湿地采样点 S1 和 S5 的条带相对均匀分布于整个变性浓度范围。

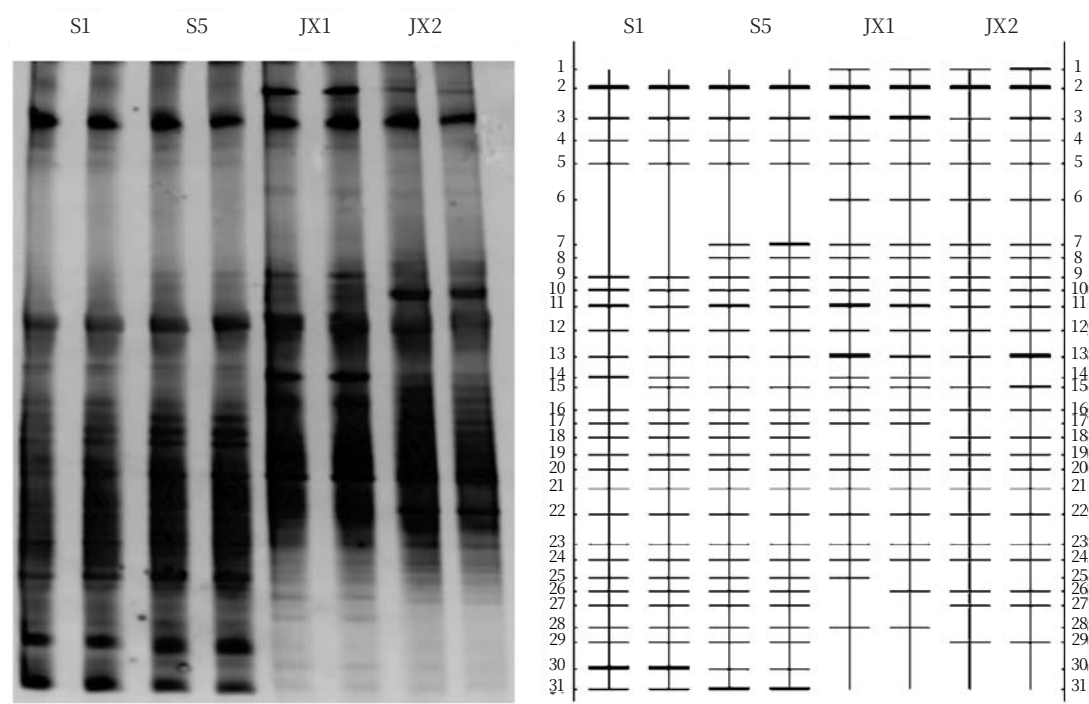


图2 白洋淀湿地和嘉兴石臼漾湿地土壤细菌群落的 DGGE 分子指纹图谱

Fig. 2 DGGE banding patterns of PCR-amplified bacterial 16S rRNA gene fragment in Baiyangdian wetland and Shijiuyang wetland in Jiaxing City

土壤细菌群落的基因型丰富度、香农多样性指数和均匀度指数的 ANOVA 分析结果见表 3。嘉兴石臼漾湿地北区和南区 2 个样点的芦苇根际土壤细菌群落基因型丰富度、香农多样性指数和均匀度指数之间均无显著差异,而在白洋淀湿地 2 个采样点之间,除均匀度指数外,其余 2 个指数均存在显著差异。S5 点根际土壤细菌群落基因型丰富度、香农多样性指数和均匀度指数均最高,并显著高于其余 3 个位点。除基因型丰富度外,白洋淀湿地和嘉兴石臼漾湿地芦苇根际土壤细菌群落多样性指数之间存在显著差异。

表 3 白洋淀湿地和嘉兴石臼漾湿地土壤细菌群落的基因型多样性

Table 3 Genotypic diversity indexes based on DGGE banding patterns in Baiyangdian wetland and Shijiuyang wetland in Jiaxing City			
样点编号 Plot	基因型丰富度 Genotypic richness	香农指数 Shannon index	均匀度指数 Evenness index
S1	25.5±0.7 a	2.768±0.024 b	0.855±0.000 b
S5	28.0±0.0 b	2.908±0.038 c	0.873±0.011 b
JX1	25.0±0.0 a	2.621±0.025 a	0.814±0.008 a
JX2	25.0±0.0 a	2.634±0.044 a	0.818±0.014 a

平均值±标准差;不同字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

对每个样品的图谱进行细菌群落结构的聚类分析结果如图 3。嘉兴石臼漾湿地 2 个采样点的细菌群落结构之间的相似度为 52%,白洋淀湿地 2 个采样点细菌群落的相似度为 57%。

3 讨论

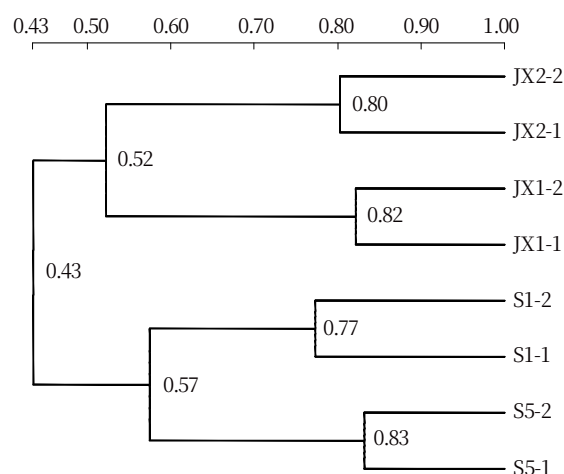
3.1 人工湿地构建初期和天然湿地土壤细菌群落结构多样性比较

嘉兴石臼漾湿地运行初期(1—1.5 a)芦苇根际土壤细菌种类已经较为丰富,多样性指数相对较高。通过聚类分析发现,与白洋淀湿地这类经过长时间自然演化的天然湿地相比,二者土壤细菌群落多样性相似度达

43% (图3)。不同地域、不同类型的湿地其动植物和微生物的物种丰富度是不同的,一般说来,环境条件越优越,物种丰富度也越大。Fierer 和 Jackson 的研究表明,土壤细菌多样性与采样点温度、纬度以及其他预测植物和动物多样性的典型因子并无直接相关关系,而随生态系统类型的不同而差异,且这种差异很大程度上可由土壤 pH 值来解释,当土壤 pH 值在 7 左右时香农指数达到最大^[19]。本研究中白洋淀湿地土壤 pH 值较嘉兴石臼漾湿地高出 0.4—0.5 个单位(表 2),综合分析 2 个湿地,基因型丰富度(S)、香农指数(H')和均匀度指数(J)大致上表现在 pH 值为 8.09 时达到最大(表 2 和表 3),由于数据较少,无法得出更加确定的规律。

除了 S 外,土壤基本理化指标和细菌多样性指数均呈正态分布,因此采用 Pearson 相关系数来反映指标间的相关关系。结果表明,湿地土壤细菌群落多样性指数(S 、 H' 和 J)与土壤全碳(STC)、土壤碳氮比(C/N)之间未发现统计学上的显著相关关系,而与土壤全氮(STN)呈现显著相关关系(S 、 H' 和 J 与 STN 相关性的 p 值分别为 0.0993, 0.0334, 0.0455)。采用 STN 线性拟合 S 、 H' 和 J 的关系式分别为: $S = 22.98 + 3.11 \times \text{STN}$, $H' = 2.44 + 0.31 \times \text{STN}$, $J = 0.78 + 0.066 \times \text{STN}$ 。Hartman 等人发现细菌群落结构多样性与土壤修复程度、土壤利用方式强烈相关^[20]。白洋淀属于一个萎缩的晚期湖泊,其沼泽化和富营养化现象明显,湿地土壤中 C/N 比和 STC 含量均要高于嘉兴石臼漾湿地(表 2),白洋淀湿地土壤碳发生了明显的蓄积。前期研究表明,白洋淀湿地芦苇型水陆交错带具有较强的净化能力,其土壤中能够进行旺盛的分解作用,因为碳储量相对丰富,异养细菌较为活跃,繁殖很快,而且产生了大量的 CO_2 ,水陆交错带潜水中较低浓度的 O_2 和较高浓度的 CO_2 都能够说明这一点^[21-22]。在这种情况下,微生物迫切需要氮素以建造自己的躯体。从而,氮素成为了湿地土壤微生物生长繁殖的限制因素。

嘉兴石臼漾湿地工程通过人为填埋植物秸秆的方式模拟白洋淀湿地天然的芦苇根孔系统,在埋植秸秆的湿地床上种植能形成自然根孔的水生和/或湿生植物,有效改变了湿地构建初期土壤亚表层的孔隙结构。模拟研究表明,植物秸秆在填埋满 8 个月后会明显的腐烂迹象^[23],可在土壤中形成较明显的孔洞。在嘉兴石臼漾湿地实际运行过程中,通过人为的水力调控使得湿地水位日波动 30—40 cm,这进一步加速了植物秸秆的腐烂。目前,整个湿地运行良好。对运行初期(1—1.5 a)湿地内水生植物进行调查的结果表明,石臼漾湿地现存水生维管束植物共计 25 科 41 属 49 种,远超过人工栽植的 13 种。人工湿地构筑时所造就的较优环境条件有利于微生物群落多样性的提升。但是, DGGE 分子指纹图谱(图 2)显示:相较于白洋淀湿地两个采样点 S1 和 S5 其条带相对均匀分布于整个变性浓度范围,嘉兴石臼漾湿地 2 个采样点 JX1 和 JX2 的条带主要分布在泳道的中上段,且优势条带明显;细菌群落基因型多样性指数 ANOVA 分析也显示,嘉兴石臼漾湿地采样点 JX1 和 JX2 的香农指数和均匀度指数显著低于白洋淀湿地。Allison 和 Martiny 通过模型对环境扰动与细菌群落结构变化间的关系进行分析,结果显示:细菌群落结构对环境扰动敏感,但经过足够长的时间,细菌群落结构组成可以恢复到扰动前的水平^[24]。嘉兴石臼漾湿地修建前以农田荒地为主,在当地没有成熟的芦苇湿地作为参照,因此选取白洋淀湿地作为参照以期对嘉兴石臼漾湿地的健康状况进行初步评价。本研究表明,嘉兴石臼漾湿地在运行初期其芦苇根际土壤细菌种类迅速增加,已接近天然湿地的 60%—70%,但嘉兴石臼漾湿地要发展成一个以某些优势种群为主的相对稳定的顶级微生物群落结构格局需要更长时间的系统研究来揭示。



图中数字表示相似度 Figures denote similarity

图 3 白洋淀湿地和嘉兴石臼漾湿地土壤细菌群落结构聚类分析系统树状图

Fig. 3 Dendrogram of soil bacterial DGGE banding patterns in Baiyangdian wetland and Shijiuyang wetland in Jiaxing City

采用离差平方和法(即 Ward 法),根据湿地土壤理化指标、细菌群落基因型多样性指数分别对 2 个湿地的采样点进行分层聚类,其树状图如图 4 所示。结果表明,按土壤理化指标测定结果进行划分,白洋淀天然湿地和嘉兴石臼漾人工构筑生态湿地明显地被分为了 2 类;按湿地土壤细菌群落基因型多样性指数进行划分,嘉兴石臼漾湿地的 2 个采样点和白洋淀湿地的 S1 点被分为一类,而白洋淀湿地的 S5 点被单独分成了一类。这表明,就土壤理化指标而言,新构筑的嘉兴石臼漾湿地和较成熟的白洋淀湿地具有显著差异;就土壤细菌群落基因型多样性指数而言,嘉兴石臼漾湿地的 2 个采样点和白洋淀湿地中的 S1 采样点之间聚类距离较近,即嘉兴石臼漾湿地土壤的细菌群落基因型多样性指数与白洋淀湿地更靠近重污染河流——府河入河口的地区已较为接近,而与白洋淀湿地中经过芦苇型水陆交错带净化之后水质相对较好的区域(S5 点)存在较大差别。

3.2 水质状况对湿地土壤细菌群落结构的影响

白洋淀湿地是重度污染和高度富营养型浅水湖泊湿地,在府河河口区域,随水体污染程度的降低,根际土壤细菌种类从 25 种增加到 28 种,香农指数和均匀度指数也呈增大趋势。一些研究结果^[25-27]也表明微生物群落多样性呈现出与水环境质量协同变化的特征。根据以往研究,由水体盐度、总溶解性固体、TP 及 DO 等指标进行聚类分析的结果表明,本研究中的采样点 S1 和 S5 在空间梯度上分别处于 I 区(污染较重河口区域)和 II 区(中间过渡缓冲区域)^[16]。与水化学指标的空间梯度相对应,芦苇根际土壤细菌群落基因型多样性指数在 2 个采样点之间表现出了差异。随着污染梯度的降低,湿地土壤细菌群落结构朝着优化的方向发展。

与白洋淀湿地相比,嘉兴石臼漾湿地 2 个采样点根际土壤细菌种类数相差不大,JX2 采样点其基因型多样性指数较之 JX1 虽整体变化趋势不显著但也有所增加。

白洋淀湿地 2 个采样点(S1, S5)之间的空间跨度约为 2 km,嘉兴石臼漾湿地 2 个采样点(JX1, JX2)之间的空间跨度约为 1 km。虽然白洋淀湿地采样点之间的空间跨度较大,但由于其芦苇型水陆交错带相对较为成熟,两点之间由一条蜿蜒曲折的主河道相连通,空间上的水力联系较为紧密,水位年际波动幅度大(近年来的水位年际波动范围在 0.5—1.5 m)且频繁(日波动约为 10 cm),造成芦苇湿地根际土壤细菌对污染梯度和水文波动的适应性较强,再加上长期历史进化的原因,在空间梯度上其细菌群落结构较为相似,细菌群落结构的聚类分析结果显示,采样点 S1 和 S5 的细菌群落结构相似度为 57%。

嘉兴石臼漾湿地两个采样点(JX1, JX2)之间的空间跨度较白洋淀湿地要小(为白洋淀湿地的 1/2),其主要水质指标的空间差别也较小,但由于湿地构建时间较短,湿地根际土壤细菌结构的趋同效应尚不明显,受局部小尺度因子影响较大,因此采样点 JX1 和 JX2 的细菌群落结构相似度为 52%,略低于白洋淀湿地。

嘉兴石臼漾湿地在构建和运行维护过程中采取了一系列优化调控措施,如依靠人工填埋秸秆的腐烂形成根孔和多项水力调控措施来加强湿地的边缘水交换过程和截留净化功能,同时秸秆腐烂还可为湿地构建初期水生植物生长提供良好的根际生物性基质。这些措施为湿地演替初期根际微生物的发育提供了有利条件。鉴于嘉兴石臼漾湿地还较年轻,其根际土壤细菌群落基因型多样性与较成熟的白洋淀天然湿地相比,已经相当可观了。

4 结论

(1)在同一区域内,随着污染物质浓度的降低,芦苇湿地根际土壤细菌群落基因型多样性呈增大趋势;

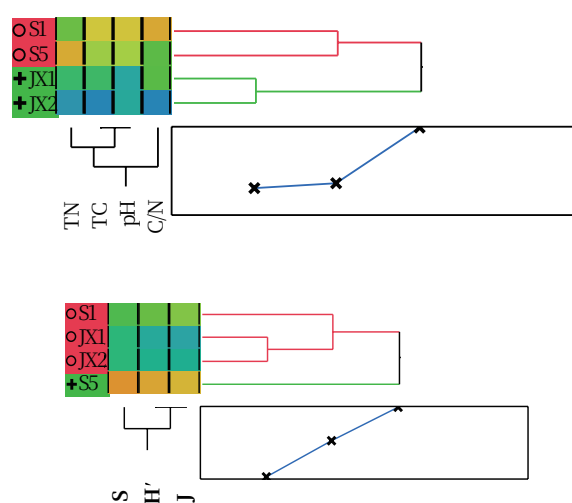


图 4 湿地采样点按土壤理化指标和细菌群落多样性指数聚类分析结果

Fig. 4 Dendrogram of sampling sites in wetlands according to soil properties and soil bacterial genotypic diversity indexes

(2)人工构筑的嘉兴石臼漾湿地运行 1—1.5 a,湿地北区和南区芦苇根际土壤细菌群落多样性快速增加。

致谢:本研究得到了中国科学院生态环境研究中心刘俊新研究员、贺纪正研究员、高敏和陈新博士的大力支持,特此致谢。

References:

- [1] Deng F T, Sun P S, Deng F S, Wu G, Li Q, Ma L H, Chen R C. Demonstration engineering research on constructed wetland for purifying polluted river water flowing into Dianchi Lake. *Environmental Engineering*, 2005, 23(3): 29-31.
- [2] Ling Y M, Bai Y Q. Practice and application of artificial wetland in treatment pollution of the Wenyu River. *Beijing Water*, 2006, (4): 20-22.
- [3] Jing S R, Lin Y F, Shih K C, Lu H W. Applications of constructed wetlands for water pollution control in Taiwan: review. *Practice Periodical of Hazardous, Toxic, and Radioactive Waste Management*, 2008, 12(4): 249-259.
- [4] Faulwetter J L, Gagnon V, Sundberg C, Chazarenc F, Burr M D, Brisson J, Camper A K, Stein O R. Microbial processes influencing performance of treatment wetlands: a review. *Ecological Engineering*, 2009, 35(6): 987-1004.
- [5] Muyzer G, de Waal E C, Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology*, 1993, 59(3): 695-700.
- [6] Casamayor E O, Schäfer H, Bañeras L, Pedrós\Alió C, Muyzer G. Identification of and spatio-temporal differences between microbial assemblages from two neighboring sulfurous lakes: Comparison by microscopy and denaturing gradient gel electrophoresis. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(2): 499-508.
- [7] Bell T, Ager D, Song J I, Newman J A, Thompson I P, Lilley A K, van der Gast C J. Larger islands house more bacterial taxa. *Science*, 2005, 308(5730): 1884-1884.
- [8] Horner-Devine M C, Carney K M, Bohannon B J M. An ecological perspective on bacterial biodiversity. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2004, 271(1535): 113-122.
- [9] Reche I, Pulido-Villena E, Morales-Baquero R, Casamayor E O. Does ecosystem size determine aquatic bacterial richness? *Ecology*, 2005, 86(7): 1715-1722.
- [10] Han Y, Cheng K, Zhao Y J. Isolation and screening of highly efficient rhizosphere microbes for COD degradation in wastewater. *Journal of Microbiology*, 2008, 28(2): 61-64.
- [11] Kirk G J D, Kronzucker H J. The potential for nitrification and nitrate uptake in the rhizosphere of wetland plants: a modelling study. *Annals of Botany*, 2005, 96(4): 639-646.
- [12] Ravit B, Ehenfeld J G, Häggblom M M. Effects of vegetation on root-associated microbial communities: A comparison of disturbed versus undisturbed estuarine sediments. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(8): 2359-2371.
- [13] Wei C, Liu P. Relationship between wastewater purification and diversity of rhizosphere microorganism in the constructed wetland. *Journal of Agro-Environment Science*, 2008, 27(6): 2401-2406.
- [14] Zul D, Denzel S, Kotz A, Overmann J. Effects of plant biomass, plant diversity, and water content on bacterial communities in soil lysimeters: implications for the determinants of bacterial diversity. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(21): 6916-6929.
- [15] Ziemińska A, Raszka A, Truu J, Surmacz-Górska J, Miksch K. Molecular analysis of temporal changes of a bacterial community structure in activated sludge using denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) and fluorescent *in situ* hybridization (FISH). *Polish Journal of Microbiology*, 2007, 56(2): 119-127.
- [16] Wang W D, Wang L, Nie D G, Yin C Q. Studies on hydrochemical changes and purification effects of the *Phragmites australis*-dominated land/inland water ecotones in Baiyangdian Lake. *Ecology and Environmental Sciences*, 2010, 19(3): 537-543.
- [17] Yu Z T, Morrison M. Comparisons of different hypervariable regions of *rrs* genes for use in fingerprinting of microbial communities by PCR-denaturing gradient gel electrophoresis. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, 70(8): 4800-4806.
- [18] Bell T, Newman J A, Silverman B W, Turner S L, Lilley A K. The contribution of species richness and composition to bacterial services. *Nature*, 2005, 436(7054): 1157-1160.
- [19] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(3): 626-631.
- [20] Hartman W H, Richardson C J, Vilgalys R, Bruland G L. Environmental and anthropogenic controls over bacterial communities in wetland soils. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, 105(46): 17842-17847.
- [21] Wang W D, Wang D L, Yin C Q, Chen H Y, Jiang J, Zheng J. A study on the groundwater quality of the Baiyangdian wetland ecosystem. *Acta*

Ecologica Sinica, 2001, 21(6): 919-925.

- [22] Wang W D, Wang D L, Yin C Q. A field study on the hydrochemistry of land/inland water ecotones with reed domination. *Acta Hydrochimica et Hydrobiologica*, 2002, 30(2-3): 117-127.
- [23] Li J. The Mass Flow Processes of Water and Nutrients in Root Channel Systems of Experimental Wetlands. Beijing: The Graduate University of Chinese Academy of Sciences, 2009.
- [24] Allison S D, Martiny J B H. Resistance, resilience, and redundancy in microbial communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, 105(1): 11512-11519.
- [25] Wang X D, Zhai Z H, Zhao S, Li R Q, Ma W L, Li Y H. Effect of free surface flow wetland and subsurface flow wetland on bacterial diversity in Beijing Cuihu Wetland Park. *Environmental Science*, 2009, 30(1): 280-288.
- [26] Popko D A, Han S K, Lanoil B, Walton W E. Molecular ecological analysis of planktonic bacterial communities in constructed wetlands invaded by *Culex* (Diptera: Culicidae) mosquitoes. *Journal of Medical Entomology*, 2006, 43(6): 1153-1163.
- [27] Feng S, Gao G, Zhu G W, Zhang Y L, Qin B Q. Bacterial community structure in different eco-restoration areas in a eutrophic lake based on 16S rDNA-DGGE and FDC. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2007, 13(4): 535-540.

参考文献:

- [1] 邓辅唐, 孙珮石, 邓辅商, 吴广, 李强, 马丽红, 陈汝才. 人工湿地净化滇池入湖河道污水的示范工程研究. *环境工程*, 2005, 23(3): 29-31.
- [2] 凌玉梅, 白云庆. 人工湿地在温榆河生态治污中的实践与应用. *北京水务*, 2006, (4): 20-22.
- [10] 韩云, 程凯, 赵以军. 高效降解生活污水中 COD 的根际微生物的分离筛选. *微生物学杂志*, 2008, 28(2): 61-64.
- [13] 魏成, 刘平. 人工湿地污水净化效率与根际微生物群落多样性的相关性研究. *农业环境科学学报*, 2008, 27(6): 2401-2406.
- [16] 王为东, 王亮, 聂大刚, 尹澄清. 白洋淀芦苇型水陆交错带水化学动态及其净化功能研究. *生态环境学报*, 2010, 19(3): 537-543.
- [21] 王为东, 王大力, 尹澄清, 陈海婴, 姜婧, 郑军. 芦苇型湿地生态系统的潜水水质状态研究. *生态学报*, 2001, 21(6): 919-925.
- [23] 李静. 湿地根孔系统水流和营养物流动过程的实验研究. 北京: 中国科学院研究生院, 2009.
- [25] 王晓丹, 翟振华, 赵爽, 李荣旗, 马文林, 李艳红. 北京翠湖表流和潜流湿地对细菌多样性的影响. *环境科学*, 2009, 30(1): 280-288.
- [27] 冯胜, 高光, 朱广伟, 张运林, 秦伯强. 基于 16S rDNA-DGGE 和 FDC 技术对富营养化湖泊不同生态修复工程区细菌群落结构的研究. *应用与环境生物学报*, 2007, 13(4): 535-540.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.31 ,No. 16 August ,2011 (Semimonthly)

CONTENTS

A comparative study on the diversity of rhizospheric bacteria community structure in constructed wetland and natural wetland with reed domination	WANG Zhongqiong, WANG Weidong, ZHU Guibing, et al (4489)
Light response of photosynthesis and its simulation in leaves of <i>Prunus sibirica</i> L. under different soil water conditions	LANG Ying, ZHANG Guangcan, ZHANG Zhengkun, et al (4499)
Effects of colour shading on the yield and main biochemical components of summer-autumn tea and spring tea in a hilly tea field	QIN Zhimin, FU Xiaoqing, XIAO Runlin, et al (4509)
Effects of cadmium on the contents of phytohormones, photosynthetic performance and fluorescent characteristics in tobacco leaves	WU Kun, WU Zhonghong, TAI Fujun, et al (4517)
Comparative physiological responses of cadmium stress on <i>Enteromorpha clathrata</i> and <i>Enteromorpha linza</i>	JIANG Heping, ZHENG Qingsong, ZHU Ming, et al (4525)
Effects of salt stress on glucosinolate contents in <i>Arabidopsis thaliana</i> and <i>Thellungiella halophila</i> rosette leaves	PANG Qiuying, CHEN Sixue, YU Tao, et al (4534)
Effects of long-term double-rice and green manure rotation on rice yield and soil organic matter in paddy field	GAO Jusheng, CAO Weidong, LI Dongchu, et al (4542)
Nitrogen balance in the farmland system based on water balance in Hetao irrigation district, Inner Mongolia	DU Jun, YANG Peiling, LI Yunkai, et al (4549)
Seed characteristics and seedling growth of <i>Spartina alterniflora</i> on coastal wetland of North Jiangsu	XU Weiwei, WANG Guoxiang, LIU Jin'e, et al (4560)
Assessment of non-point source pollution export from Zigui county in the Three Gorges Reservoir area using the AnnAGNPS model	TIAN Yaowu, HUANG Zhilin, XIAO Wenfa (4568)
Effects of Cadmium pollution on oxidative stress and metallothionein content in <i>Pirata subpiraticus</i> (Araneae: Lycosidae) in different habitats	ZHANG Zhengtian, PANG Zhenling, XIA Min, et al (4579)
The distribution of size-fractionated chlorophyll a in the Indian Ocean South Equatorial Current	ZHOU Yadong, WANG Chunsheng, WANG Xiaogu, et al (4586)
Change of waterbird community structure after the intertidal mudflat reclamation in the Yangtze River Mouth: a case study of NanHui Dongtan area	ZHANG Bin, YUAN Xiao, PEI Enle, et al (4599)
Application of fish assemblage integrity index (FAII) in the environment quality assessment of surf zone of Yangtze River estuary	MAO Chengze, ZHONG Junsheng, JIANG Rijin, et al (4609)
Population age structure of Antarctic krill <i>Euphausia superba</i> off the northern Antarctic Peninsula based on fishery survey	ZHU Guoping, WU Qiang, FENG Chunlei, et al (4620)
Validation and adaptability evaluation of rice growth model ORYZA2000 in double cropping rice area of Hunan Province	MO Zhihong, FENG Liping, ZOU Haiping, et al (4628)
Coupled energy and carbon balance analysis under dryland tillage systems	WANG Xiaobin, WANG Yan, DAI Kuai, et al (4638)
The nitrate-nitrogen leaching amount in paddy winter-spring fallow period	WANG Yongsheng, YANG Shiqi (4653)
The sources of organic carbon and nitrogen in sediment of Taihu Lake	NI Zhaoxui, LI Yuejin, WANG Shengrui, et al (4661)
Effect of partial solar eclipse on airborne culturable bacterial community in Urumqi	MA Jing, SUN Jian, ZHANG Tao, et al (4671)
Comparative study on density related intra- and inter-specific effects in <i>Laodelphax striatellus</i> (Fallen) and <i>Nilaparvata lugens</i> (Stål)	LÜ Jin, CAO Tingting, WANG Liping, et al (4680)
Behavior rhythm and seasonal variation of time budget of sun bear (<i>Helarctos malayanus</i>) in captivity	LAN Cunzi, LIU Zhensheng, WANG Aishan, et al (4689)
Disturbance regimes and gaps characteristics of the desert riparian forest at the middle reaches of Tarim River	HAN Lu, WANG Haizhen, CHEN Jiali, et al (4699)
Death causes and conservation strategies of the annual regenerated seedlings of rare plant, <i>Bretschneidera sinensis</i>	QIAO Qi, QIN Xinsong, XING Fuwu, et al (4709)
Effects of municipal compost extracted complex microbial communities on physio-ecological characteristics of turfgrass under drought stress	DUO Lian, WANG Jingjing, ZHAO Shulan (4717)
Spatiotemporal relationship of leaf area index simulated by CLM3.0-DGVM and climatic factors	SHAO Pu, ZENG Xiaodong (4725)
Analysis of circular economy of Liaoning Province based on eco-efficiency	HAN Ruiling, TONG Lianjun, SONG Yanan (4732)
Review and Monograph	
The fungal to bacterial ratio in soil food webs, and its measurement	CAO Zhiping, LI Depeng, HAN Xuemei (4741)
Indicators for evaluating sustainable communities: a review	ZHOU Chuanbin, DAI Xin, WANG Rusong, et al (4749)
Discussion	
Differential expression of <i>PAL</i> multigene family in allelopathic rice and its counterpart exposed to stressful conditions	FANG Changxun, WANG Qingshui, YU Yan, et al (4760)
Scientific Note	
Ecology study on the benthic animals of QinZhou Bay	WANG Di, CHEN Pimao, MA Yuan (4768)
Change characteristics of soil carbon and nitrogen contents in the Yellow River Delta soil after artificial restoration	DONG Kaikai, WANG Hui, YANG Liyuan, et al (4778)
Estimation and spatial pattern analysis of forest biomass in Fenglin Nature Reserve based on Geostatistics	LIU Xiaomei, BU Rencang, DENG Huawei, et al (4783)
Study on sap flow in forest of <i>Quercus liaotungensis</i> and <i>Populus davidiana</i> by using the TDP method	SUI Xuhong, ZHANG Jianjun, WEN Wanrong (4791)
N ₂ O Emission and its driving factors from typical marsh and shrub swamp in Xiaoxing'an Mountains, Northeast China	SHI Lanying, MU Changcheng, TIAN Xinmin, et al (4799)

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 16 期 (2011 年 8 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 31 No. 16 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@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