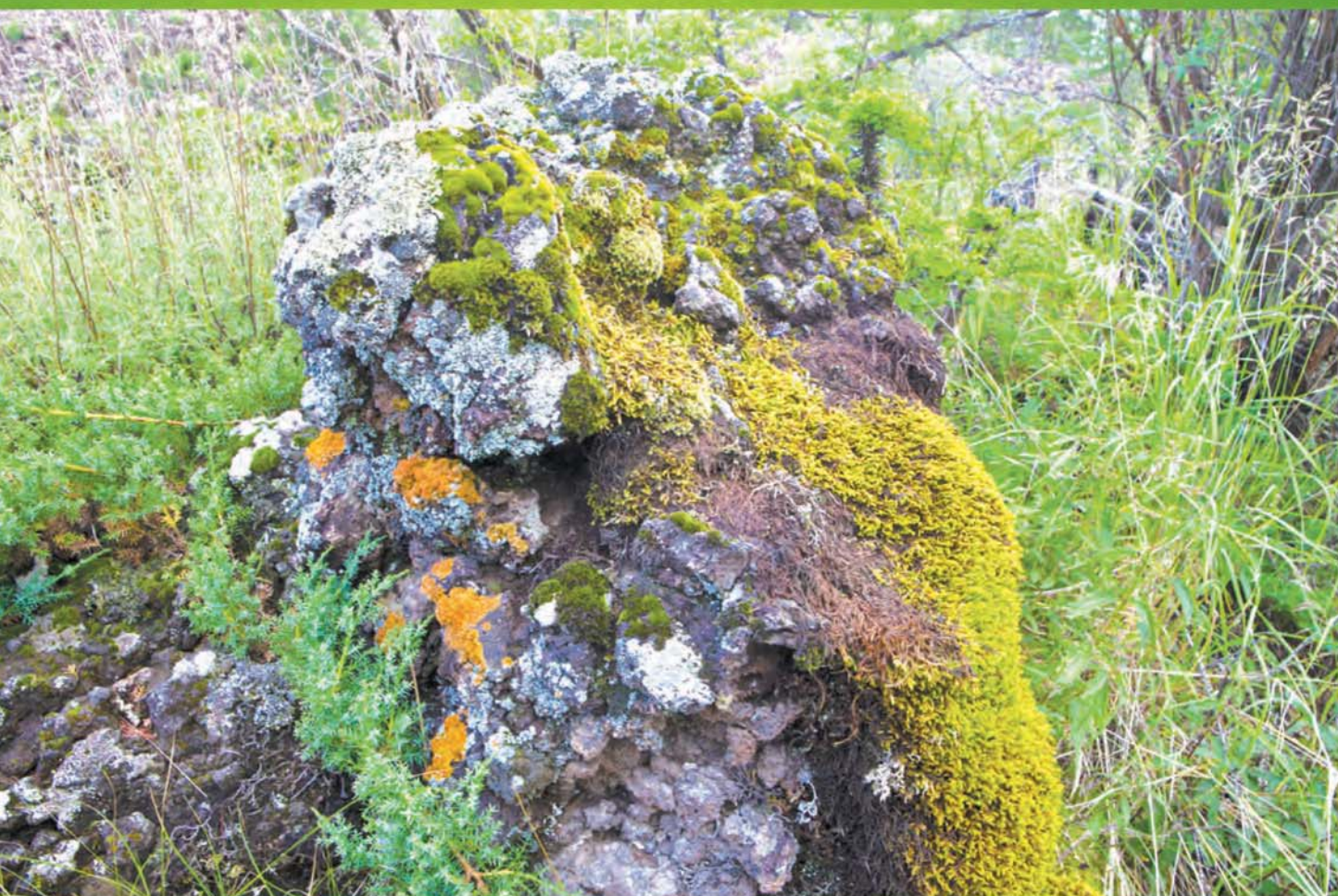


ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第32卷 第6期 Vol.32 No.6 **2012**

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 32 卷 第 6 期

2012 年 3 月 (半月刊)

目 次

高原草被退化程度的遥感定量监测——以甘肃省玛曲县为例·····	周坚华,魏怀东,陈芳,等 (1663)
基于着生藻类的太子河流域水生态系统健康评价·····	殷旭旺,渠晓东,李庆南,等 (1677)
哀牢山常绿阔叶林水源涵养功能及其在应对西南干旱中的作用·····	杞金华,章永江,张一平,等 (1692)
青岛沿岸水体原生生物群落与水质状况的关系·····	杨金鹏,姜勇,胡晓钟 (1703)
增温对青藏高原高寒草甸生态系统固碳通量影响的模拟研究·····	亓伟伟,牛海山,汪诗平,等 (1713)
三峡水库消落带植物叶片光合与营养性状特征·····	揭胜麟,樊大勇,谢宗强,等 (1723)
三峡库区澎溪河鱼类时空分布特征的水声学·····	任玉芹,陈大庆,刘绍平,等 (1734)
强壮前沟藻化感物质分析·····	冀晓青,韩笑天,杨佰娟,等 (1745)
饥饿对中间球海胆 MYP 基因转录表达的影响·····	秦艳杰,孙博林,李霞,等 (1755)
贺兰山牦牛冬春季的生境选择·····	赵宪南,苏云,刘振生,等 (1762)
利用元胞自动机研究一类捕食食饵模型中的斑块扩散现象·····	杨立,李维德 (1773)
转 <i>Cry1Ab</i> 和 <i>Cry1Ac</i> 融合基因型抗虫水稻对田间二化螟和大螟种群发生动态的影响·····	李志毅,隋贺,徐艳博,等 (1783)
光谱和光强度对西花蓟马雌虫趋光行为的影响·····	范凡,任红敏,吕利华,等 (1790)
荧光素对舞毒蛾核型多角体病毒不同地理品系的增效与光保护作用·····	王树娟,段立清,李海平,等 (1796)
不同利用强度下绿洲农田土壤微量元素有效含量特征·····	李海峰,曾凡江,桂东伟,等 (1803)
稻田温室气体排放与土壤微生物菌群的多元回归分析·····	秦晓波,李玉娥,石生伟,等 (1811)
黄土高原典型区域土壤腐殖酸组剖面分布特征·····	党亚爱,李世清,王国栋 (1820)
紫色土菜地生态系统土壤 N_2O 排放及其主要影响因素·····	于亚军,王小国,朱波 (1830)
中国亚热带典型天然次生林土壤微生物碳源代谢功能影响因素·····	王芸,欧阳志云,郑华,等 (1839)
基于 K-均值算法模型的区域土壤数值化分类及预测制图·····	刘鹏飞,宋轩,刘晓冰,等 (1846)
淹水条件下秸秆还田的面源污染物释放特征·····	杨志敏,陈玉成,张赞,等 (1854)
推迟拔节水对小麦氮素积累与分配和硝态氮运移的影响·····	王红光,于振文,张永丽,等 (1861)
江苏省冬小麦渍害的风险区划·····	吴洪颜,高苹,徐为根,等 (1871)
草原植物根系起始吸水层深度测定方法及其在不同群落状态下的表现·····	郭宇然,王炜,梁存柱,等 (1880)
亚热带 6 种树种细根序级结构和形态特征·····	熊德成,黄锦学,杨智杰,等 (1888)
高寒草原植物群落种间关系的数量分析·····	房飞,胡玉昆,张伟,等 (1898)
菊花近缘种属植物幼苗耐阴特性分析及其评价指标的确定·····	孙艳,高海顺,管志勇,等 (1908)
南方菟丝子寄生对喜旱莲子草生长及群落多样性的影响·····	王如魁,管铭,李永慧,等 (1917)
基于 cDNA 克隆的亚热带阔叶林和针叶林生态系统担子菌漆酶基因多样性及其群落结构研究·····	陈香碧,苏以荣,何寻阳,等 (1924)
细柄阿丁枫和米槠细根寿命影响因素·····	黄锦学,凌华,杨智杰,等 (1932)
基于 TM 遥感影像的森林资源线性规划与优化配置研究·····	董斌,陈立平,王萍,等 (1943)
基于 CFD 的城市绿地空间格局热环境效应分析·····	刘艳红,郭晋平,魏清顺 (1951)
专论与综述	
生态补偿效率研究综述·····	赵雪雁 (1960)
研究简报	
黄河三角洲石油生产对东营湿地底栖动物群落结构和水质生物评价的影响·····	陈凯,肖能文,王备新,等 (1970)
期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 316 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 34 * 2012-03	



封面图说: 植物生命演进石——这不是一块普通的火山岩,而是一块集中展示植物“原生演替”过程最有价值的石头。火山熔岩冷却后的玄武岩是无生命无土壤的真正“裸石”,风力使地衣的孢子传入,在一定温湿度环境下,开始出现了壳状地衣,壳状地衣尸体混合了自然风化的岩石碎屑提供的条件使叶状、枝状地衣能够侵入,接着苔藓侵入,是它们启动了土壤的形成,保持了土壤的湿度,并使营养物质反复循环。于是蕨类定居,草丛长了起来,小灌木出现,直到树木生长,最终形成森林。

彩图提供: 陈建伟教授 北京林业大学 E-mail: cites.chenjw@163.com

DOI: 10.5846/stxb201102260224

秦晓波, 李玉娥, 石生伟, 万运帆, 纪雄辉, 廖育林, Hong Wang, 刘运通, 李勇. 稻田温室气体排放与土壤微生物菌群的多元回归分析. 生态学报, 2012, 32(6): 1811-1819.

Qin X B, Li Y E, Shi S W, Wan Y F, Ji X H, Liao Y L, Wang H, Liu Y T, Li Y. Multivariate regression analysis of greenhouse gas emissions associated with activities and populations of soil microbes in a double-rice paddy soil. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(6): 1811-1819.

稻田温室气体排放与土壤微生物菌群的多元回归分析

秦晓波^{1,2,4}, 李玉娥^{1,2,*}, 石生伟^{1,2}, 万运帆^{1,2}, 纪雄辉³, 廖育林³,
Hong Wang⁴, 刘运通^{1,2}, 李 勇⁵

(1. 中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所, 北京 100081; 2. 农业部农业环境与气候变化重点开放实验室, 北京 100081;
3. 湖南省土壤肥料研究所, 长沙 410125; 4. Semiarid Prairie Agricultural Research Centre, Agricultural and Agri-Food Canada,
Swift current, Saskatchewan, S9H 3X2, Canada; 5. 中国科学院亚热带农业生态研究所, 长沙 410125)

摘要:为揭示多种田间管理措施综合影响下双季稻田温室气体平均排放通量与土壤微生物菌群的多元回归关系,利用静态箱—气相色谱法和稀释培养计数法进行了温室气体排放通量和土壤产气微生物菌群数量的连续观测。2a 研究结果显示,稻田甲烷排放通量与土壤微生物总活性和产甲烷菌数量关系密切,甲烷排放通量与二者的关系可分别由指数和二次多项式模型拟合。一元回归分析表明,仅产甲烷菌数量就能单独解释 96.9% 的稻田甲烷排放通量变异 ($R^2=0.969, P<0.001$),但考虑两种因素的多元回归拟合优度高于一元回归 ($R^2=0.975, P<0.001$)。氧化亚氮排放通量与土壤硝化细菌和反硝化细菌数量也密切相关 ($P<0.05$),氧化亚氮排放通量与二者的二元非线性混合回归模型可以解释至少 70.4% 的稻田氧化亚氮排放通量 ($R^2\geq 0.704, P<0.001$),其拟合优度也高于一元回归。稻田温室气体排放通量受多种影响因素控制,土壤产气微生物活性和数量是多种因素影响的直接响应,因此二者与温室气体排放存在显著相关,基于田间试验的多元非线性回归分析客观的揭示了温室气体排放通量与环境因子的相关关系。

关键词:甲烷和氧化亚氮排放;双季稻田;稀释培养计数法;产甲烷菌;硝化细菌;反硝化细菌;多元回归

Multivariate regression analysis of greenhouse gas emissions associated with activities and populations of soil microbes in a double-rice paddy soil

QIN Xiaobo^{1,2,4}, LI Yu'e^{1,2,*}, SHI Shengwei^{1,2}, WAN Yunfan^{1,2}, JI Xionghui³, LIAO Yulin³, WANG Hong⁴, LIU Yuntong^{1,2}, LI Yong⁵

1 Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

2 The Key Laboratory for Agro-Environment and Climate Change, Ministry of Agriculture, Beijing 100081, China

3 Soils and Fertilizer Institute of Hunan Province, Changsha 410125, China

4 Semiarid Prairie Agricultural Research Centre, Agricultural and Agri-Food Canada, Swift Current, Saskatchewan, S9H 3X2, Canada

5 Key Laboratory of Agro-ecological Processes in Subtropical Region, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China

Abstract: To investigate the regression relationships between greenhouse gas (GHG) emissions and soil microbes in a double-rice paddy soil under various management practices, a two-year study was conducted to observe the seasonal variation of GHG emissions and activities of soil microbes (SMA) as well as their populations (SMP) using the closed static chamber—GC (gas chromatography) and the most probable number methods. There were seven management practices (or treatments), including CWS (Conventional Tillage + Without Straw Residues + Urea), NWS (No Tillage + Without

基金项目:2011 年公益性行业(农业)科研专项经费资助(201103039);国家“973”计划课题(2012CB417106)

收稿日期:2011-02-26; **修订日期:**2011-08-01

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yueli@ami.ac.cn

Straw Residues + Urea), SCU (Conventional Tillage + Without Straw Residues + Controlled-Release Urea), HN (High Stubbles + No Tillage + Urea), HC (High Stubbles + Conventional Tillage + Urea), SN (Straw Cover + No Tillage + Urea) and SNF (Straw Cover + No Tillage + Urea + Continuous Flooding). The average values of seven treatments' daily fluxes of GHGs and SMA as well as SMP were used for the analysis in this study. Regression analysis was conducted using the R statistical software. Similar seasonal variations of methane flux and SMA as well as the amount of soil methanogens (MET) were found in the rice growing season of 2008—2009; and same regularity occurred in the temporal distribution of nitrous oxide flux and the amount of soil nitrifiers and denitrifiers. Furthermore, there was a strong correlation between methane flux and SMA as well as the population of MET. The relationships of methane flux vs. SMA and methane flux vs. MET can be represented by using the exponential and quadratic polynomial models, respectively. Simple regression indexed that the quantity of MET could explain individually at least 96.96% of variance of methane flux ($R^2=0.969$, $P<0.001$), but the fitting precision of multiple nonlinear regression of methane flux with two factors of SMA and MET ($R^2=0.975$, $P<0.001$) was higher than the univariate regression analysis. Besides, the pronounced positive dependency of nitrous oxide flux with soil nitrifiers and denitrifiers has also been found ($P<0.05$). The mixed binary nonlinear regression of nitrous oxide flux with the SMP of the two types of microbes can explain at least 70.4% of variance of nitrous oxide flux ($R^2\geq 0.704$, $P<0.001$), and of course the fitting precision of multiple nonlinear regression was higher than the simple regression using the SMP of either nitrifiers or denitrifiers. However, as we know, GHG emissions from paddy soils are affected by many factors, of which SMA and SMP are the most direct influential variants. In order to reasonably reveal the interactions between GHG emissions and environmental variables, the multivariate nonlinear regression analysis should be carried out based on data derived from the extensive field experiments rather than few laboratory trials.

Key Words: CH₄ and N₂O emission; double rice field; most probable number method; methanogens; nitrifiers; denitrifiers; multivariate regression

甲烷(CH₄)和氧化亚氮(N₂O)是仅次于二氧化碳的最重要温室气体,虽然二者对全球温室效应的贡献分别只有15%和5%,但工业化以来二者在大气中的浓度持续增加,近年来仍分别保持着1.1%和0.3%的年增长率^[1]。农业是两种温室气体较大的排放源,据报道^[2],1990年全球农田N₂O排放量为0.096Tg N,约占总排放的10%,而水稻(*Oryza sativa* L.)田是CH₄最重要的农业源,全球水稻田CH₄排放量为60Gt/a,约占其总排放的10%—30%^[3]。

稻田土壤温室气体主要产生自微生物参与的复杂生物化学过程。稻田CH₄排放包括CH₄产生、再氧化和传输3个过程^[4],其中前两个过程都与土壤微生物数量及活性密切相关。研究表明,70%—80%的CH₄来自生物过程,在厌氧环境中,产甲烷菌通过对有机质的消耗过程产生CH₄^[5-6],这个过程是产CH₄发酵进程中的有机质矿化过程^[6]。产甲烷菌属于古细菌范畴^[7],是一个庞大的族群,至2000年,已发现的产甲烷菌共有26类60多种^[8]。水稻田、沼泽土壤等环境非常适宜产甲烷菌的存在,因此水稻土壤常表现为CH₄排放状态,土壤产生的CH₄有3%—81%排放到大气中^[9]。同样,N₂O也主要产生自土壤中的微生物过程^[10]。硝化和反硝化这两个化能自养的生化过程是土壤N₂O的主要来源^[11]。但N₂O是硝化过程的副产物^[12-13]和反硝化过程的中间产物^[13],研究表明,更多的N₂O来自于反硝化过程^[14-15]。具体的土壤湿度状况决定这两个过程的发生,但在极度厌氧条件下,反硝化过程将不产生或极少产生N₂O^[16],因此,在水稻田等湿度较大的土壤环境中,N₂O排放通量较少甚至可以忽略不计^[17-18],但由于其全球增温潜势远大于CH₄^[19],因此仍具有较高的减排潜力。

关于稻田温室气体排放通量与土壤微生物菌群的关系,以往已有较多研究,但多数是实验室培养实验^[20-24]和盆栽试验^[25],缺乏大田实地试验^[26-27],而很多研究都为期较短,缺乏2a以上的长期连续试验。对

于 N_2O 排放通量与硝化细菌和反硝化细菌数量关系的研究较少^[28-29],也很少有研究涉及微生物总活性与温室气体排放通量关系的分析。多数研究只对影响温室气体排放的单一因素进行了相关分析^[26-27],极少有研究同时关注多种管理措施和多元回归分析,这对全面掌握土壤产气微生物与温室气体排放通量的关系是不够的。因此,本研究旨在将多种稻田管理措施影响下温室气体平均排放通量与土壤产气微生物菌群活性和数量的关系进行多元回归分析,从微生物的角度揭示稻田温室气体排放季节变异的原因。

1 材料和方法

1.1 试验设计

试验设置在湖南省长沙县干杉乡农技站(113°11'E,28°8'N),属中亚热带季风湿润气候区。年平均气温 17.5℃,≥10℃ 积温 5450℃ 天,年日照 1700h,全年降雨量 1300—1400mm,且集中在 4—6 月,此间降雨量约占全年的 50%—60%。供试土壤为第四纪红壤发育的红黄泥田,质地为砂质粘土。试验前土壤本底值如下:全氮 2.14g/kg,有机质 32.70g/kg,水解性氮 233.30mg/kg,有效磷 11.10mg/kg,速效钾 122.00mg/kg,pH 值 5.30(水:土=2.5:1)。耕作制度是早稻—晚稻—冬闲。早稻于 4 月初播种,4 月底施基肥后移栽,7 月中旬收获;晚稻于 6 月初播种,7 月中上旬施基肥后移栽,10 月中旬收获。

试验设 7 处理 3 重复,共 21 个小区,小区面积 15.6m²,随机区组排列。7 个处理分别为:1)翻耕稻草不还田;2)免耕稻草不还田;3)翻耕稻草不还田硫包膜控释尿素;4)免耕高茬还田;5)翻耕高茬还田;6)免耕覆盖还田;7)免耕覆盖还田淹灌。各处理设计详见表 1。

表 1 试验处理设计(kg/hm²)

Table 1 Design of experimental treatments

	N(尿素) Urea		P ₂ O ₅		K ₂ O		控释尿素 Controlled-release urea		留高茬 High stubble		稻草覆盖 Rice straw cover		灌溉 Irrigation	耕作 Tillage
	E	L	E	L	E	L	E	L	E	L	E	L		
翻耕稻草不还田 CWS	150	180	90	45	90	112.5							MSD	CT
免耕稻草不还田 NWS	150	180	90	45	90	112.5							MSD	NT
翻耕稻草不还田控释肥 SCU			90	45	90	112.5	441	529					MSD	CT
免耕高茬还田 HN	97.8	127.8	76.05	31.2	32.55	54.9			4500	4500			MSD	NT
翻耕高茬还田 d	97.8	127.8	76.05	31.2	32.55	54.9			4500	4500			MSD	CT
免耕覆盖还田 SN	97.8	127.8	76.05	31.2	32.55	54.9					4500	4500	MSD	NT
免耕覆盖还田淹灌 SNF	97.8	127.8	76.05	31.2	32.55	54.9					4500	4500	CF	NT

E: 早稻,L: 晚稻;稻草用量是根据植株氮磷钾的含量,换算后各处理 N、P、K 总量相同;MSD: 中期晒田,CF: 持续淹灌,CT: 翻耕,NT: 免耕;CWS: Conventional Tillage + Without Straw Residues + Urea, NWS: No Tillage + Without Straw Residues + Urea, SCU: Conventional Tillage + Without Straw Residues + Controlled-Release Urea, HN: High Stubbles + No Tillage + Urea, HC: High Stubbles + Conventional Tillage + Urea, SN: Straw Cover + No Tillage + Urea,SNF: Straw Cover + No Tillage + Urea + Continuous Flooding

1.2 温室气体和土壤样品采集与分析

样品采集

在水稻生育期内每 4d 采集 1 次温室气体样品,温室气体排放通量观测采用手动静态箱-气相色谱法,静态采样箱设计、具体取样过程和气体排放通量计算方法详见有关文献^[30-31]。

在水稻生长季内,根据其生育期特性,分阶段取样观测了土壤微生物菌群的数量和活性,从 2008 年(12 次)早稻到 2009 年(10 次)晚稻,4 个生长季内共取土样 22 次。土壤样品取样方法:利用事先准备好的土钻将土壤表层 1—2cm 土层刮开,然后取 5—15cm 深的土样,装入消毒袋,土钻用酒精现场消毒,每小区采用 5 点法混合取样,每处理共取 3 个样品,土样取得后立即带回实验室培养、分析。

土壤微生物活性和数量分析方法

(1)微生物总活性测定采用氢氧化钠(NaOH)吸收法^[32]。

(2)产甲烷菌的培养和测定采用 MPN (Most-probable-number) 法^[25, 33-34]。具体操作^[27]:采用 10^{-2} 、 10^{-3} 、 10^{-4} 、 10^{-5} 、 10^{-6} 、 10^{-7} 6 个连续稀释度土样 0.5mL, 分别接种于 3 支装有 4.5mL 的产 CH_4 培养基管中, 然后加 0.1% 的 Na_2S 和 5% 的 NaHCO_3 混合液及 0.1mL 青霉素 (50mg/mL), 在 30°C 下恒温培养 10d, 测试管中 CH_4 含量。

(3)硝化细菌和反硝化细菌的培养和测定也利用 MPN 法^[25, 32, 34]。具体操作:1)硝化细菌的培养和测定:将改良的斯蒂芬逊培养基分装于试管中, 每管 5mL, 每个土样用 19 支培养基试管。采用 10^{-2} 、 10^{-3} 、 10^{-4} 、 10^{-5} 、 10^{-6} 和 10^{-7} 等 6 个连续稀释度。于 28°C 培养, 10—14d 后, 测定硝化细菌的产生。方法是在白瓷比色板上, 加二苯胺试剂 2 滴, 如有蓝色则表示亚硝酸已被氧化成硝酸, 说明有硝化细菌的存在, 同样, 求得数量指标, 计算硝化细菌的数量。2)反硝化细菌的培养和测定:每试管中装 13mL 反硝化细菌培养基 (深层培养, 以造成嫌气条件) 在培养基中倒放一小玻璃管 (杜氏发酵管) 灭菌。取 6 个连续稀释度, 即 10^{-3} 、 10^{-4} 、 10^{-5} 、 10^{-6} 、 10^{-7} 、 10^{-8} 的土壤悬液 1mL, 接种于培养基管中, 每个稀释度接种 3 管。另有 1 管接种无菌水作为对照。于 $28\text{--}30^\circ\text{C}$ 培养, 检查是否有细菌生长。如有细菌生长, 一般有气泡出现, 培养液变混。同时用奈氏试剂检验是否有氨气 (NH_3) 产生, 方法是于白瓷比色板上取培养基 5 滴, 加奈氏试剂 2 滴, 如有氨根离子 (NH_4^+) 存在, 则为黄色或褐色沉淀。再用格氏试剂检查是否有亚硝酸根 (NO_2^-) 存在, 并用二苯胺试剂检查是否还有硝酸根离子 (NO_3^-) 存在, 根据测得数量指标结果, 按常法根据数量指标及土壤含水量换算成每克干土中反硝化细菌的数量。

1.3 数据和统计分析

为了探讨多种田间管理措施对稻田温室气体平均排放通量与土壤微生物菌群关系的综合影响, 我们对取土样当日 7 处理温室气体排放通量与土壤微生物活性及数量的平均值进行对比分析, 数据以平均值加减标准误差的形式呈现。各处理温室气体日排放通量值来自 3 个重复的平均值, 季节排放通量来自每日通量的季节均值, 季节排放量由每处理季节排放通量乘以该季生育期总天数得出。所有分组数据利用 R^[35] 软件进行正态性检验 (Shapiro 检验); 相关分析利用 R 软件 Spearman 秩相关检验 (不满足正态分布的数据) 和 Pearson 相关检验 (满足正态分布的数据); 利用 R 软件逐步回归模型进行一元和多元回归分析。

2 结果

2.1 稻田 CH_4 排放通量与土壤微生物菌群的季节变异

土壤产甲烷菌数量和微生物总活性及 CH_4 排放通量具有明显的季节变异趋势 (图 1)。从图 1 可以看出,

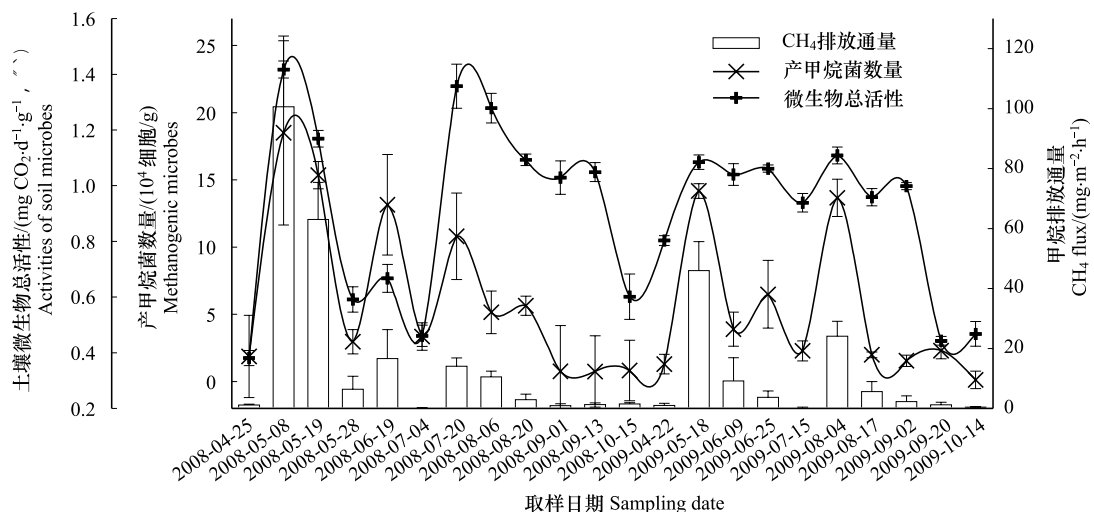


图 1 稻田 CH_4 排放通量与产甲烷菌数量和微生物总活性的季节变异趋势

Fig. 1 Temporal variation of methane flux and activities of soil microbes and amount of methanogens from rice paddy

数据为各处理平均值, 误差线为标准误差

两类土壤微生物指标特别是土壤产甲烷菌数量的季节变化趋势与 CH_4 排放通量的季节变化趋势较一致,在每个生长季初期,土壤微生物总活性和产甲烷菌数量都较低,随着作物的生长和养分的分解,土壤内部微生物也逐渐活跃,在水稻生长进入分蘖期后, CH_4 排放通量进入最高的阶段,这个时期由于水稻生长的刺激,土壤微生物活性也最强,而到水稻生长后期,作物生长进入稳定时期, CH_4 排放渐低,土壤微生物活性降低,产甲烷菌数量也减少,直到收获降到最低点。两年 4 个水稻生长季期间观测到的土壤微生物总活性范围为 $0.38\text{--}1.42\text{mg CO}_2\cdot\text{d}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$ 干土,均值为 $0.91\text{mg CO}_2\cdot\text{d}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$ 干土,而在 2008 年早稻耕作前(3 月 18 日,冬闲期)取的样品发现微生物总活性仅为 $0.66\text{mg CO}_2\cdot\text{d}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$ 干土,远小于生长季平均值,对于产甲烷菌数量,生长季平均值为 5.46×10^4 细胞/g,而冬闲期土壤产甲烷菌均值仅为 0.89×10^4 细胞/g,可见,随着水稻植株生长阶段的变化,甲烷排放通量和土壤微生物菌群活性及数量均发生相应的变化。

2.2 稻田 CH_4 排放通量与土壤微生物菌群的多元回归

稻田 CH_4 排放通量与产甲烷菌数量($r=0.8068$, $P<0.0001$, $df=20$)及微生物总活性($r=0.6973$, $P<0.001$, $df=20$)呈极显著正相关。利用 R 软件一元回归模型进一步拟合,得出稻田 CH_4 排放通量与土壤微生物总活性及产甲烷菌数量的一元拟合模型:指数(图 2)和二次多项式(图 2)模型。拟合结果均达到极显著水平。但由图 2 可以看出, CH_4 排放通量与产甲烷菌数量关系更密切,其二次多项式拟合决定系数 $R^2=0.9694$,远大于其与微生物总活性的决定系数 0.3083 ,这说明土壤产甲烷菌可单独解释 96.94% 的稻田 CH_4 排放。如果同时考虑上述两种因素,得出 CH_4 排放通量与二者的二元指数和多项式混合回归模型(图 2),其回归决定系数高于前述一元拟合模型,其决定系数 R^2 达到 0.9747 ,即二者联合起来可以解释 97.47% 的稻田 CH_4 排放,实际上土壤产甲烷菌与微生物总活性的关系非常密切,二者的 Spearman 秩相关系数 $\rho=0.6285$ ($P<0.01$, $df=20$),二者均对土壤 CH_4 排放具有重要影响,回归分析应该考虑二者的多元回归。

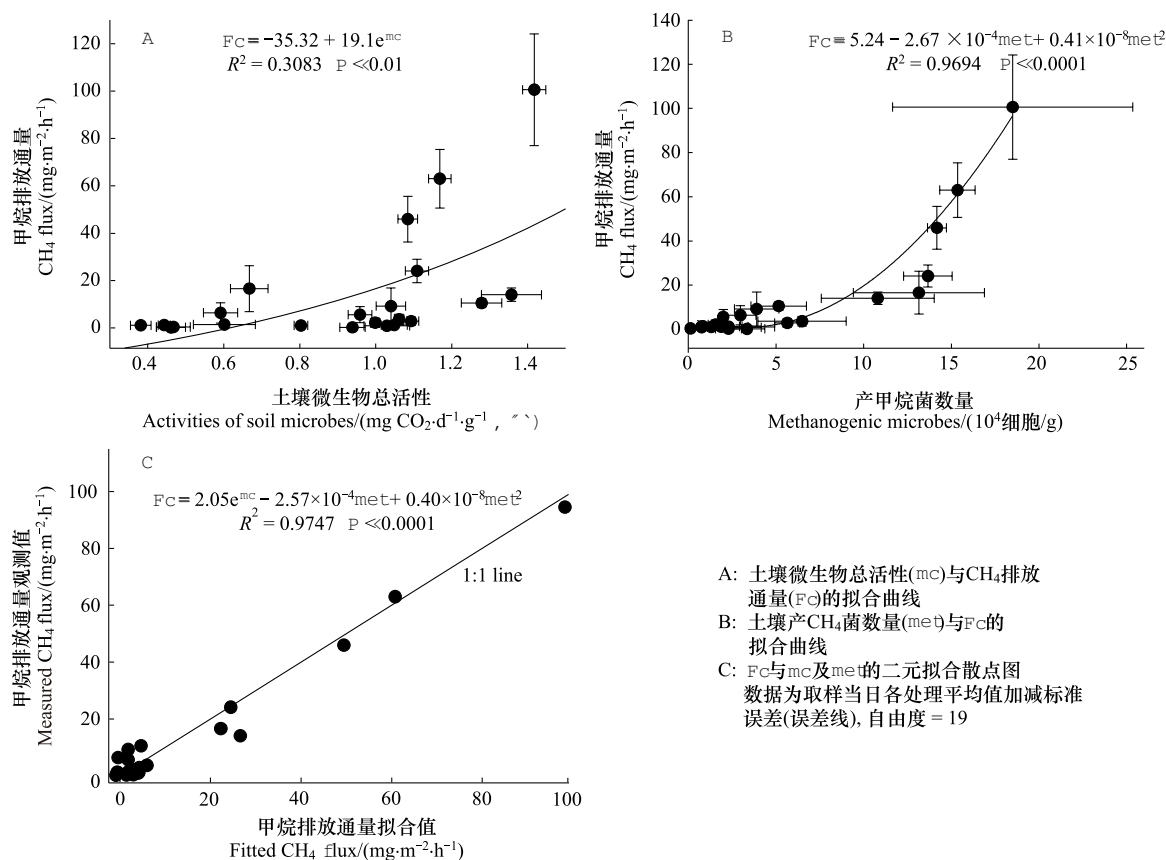


图 2 稻田 CH_4 排放通量与土壤微生物总活性及产甲烷菌数量的回归分析

Fig. 2 Regression analysis of methane flux and soil microbes from rice paddy

2.3 稻田 N_2O 排放通量与土壤微生物菌群的季节变异

硝化细菌和反硝化细菌数量与 N_2O 排放通量也有明显的季节变异趋势(图3)。2008—2009 年 4 个生长季共取样 22 次,其中有 6 次出现了 N_2O 吸收通量,这里只进行 N_2O 正排放通量与土壤微生物的回归分析(共 16 组数据)。从图 3 可以看出,土壤硝化细菌和反硝化细菌数量的时间变化趋势与 N_2O 排放通量趋势较相似。观测到的硝化细菌数量范围在 0.70×10^5 — 155.76×10^5 细胞/g 之间,均值为 32.88×10^5 细胞/g,远大于冬闲期测定的 0.16×10^5 细胞/g,同样,反硝化细菌数量范围在 6.24×10^5 — 399.94×10^5 细胞/g 之间,均值为 24.74×10^5 细胞/g,也远大于冬闲期平均值,因此,可看出两类细菌数量与水稻植株生长的密切关系。稻田 N_2O 排放通量也受水稻植株生长的影响,而且 N_2O 排放更多的受田间水分状况的控制, N_2O 多产生于稻田干湿交替的间隙,而且更多的来自田间落干期^[35],因为在淹水期,土壤水分含量过大,厌氧条件过于充足,反硝化细菌活性极强,反硝化过程就向氮气的方向进行,导致中间产物 N_2O 被进一步还原为氮气,而在土壤水分含量相对较低的条件下,反硝化细菌和硝化细菌活性均较大,两个可逆的反应交互发生,产生较多的 N_2O 排放通量。因此 N_2O 排放通量与两类细菌种群数量季节变化趋势较为一致。

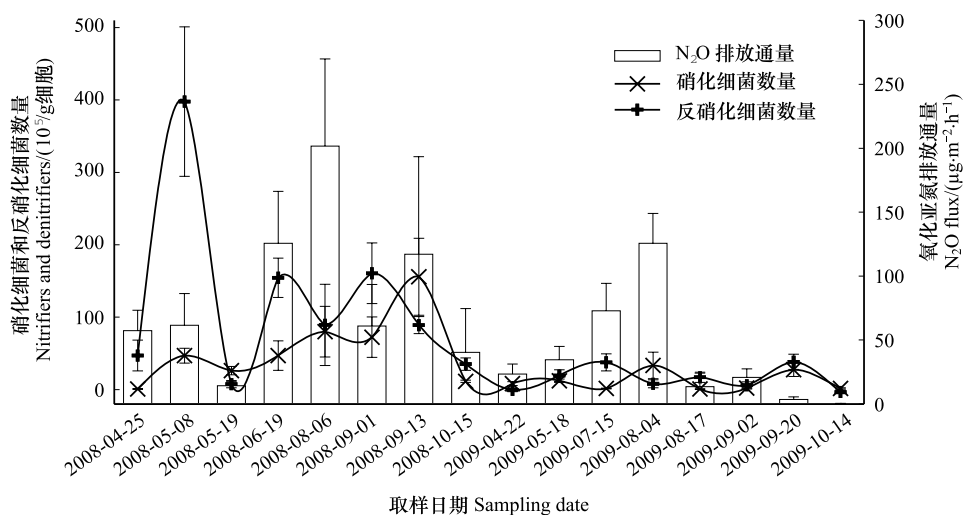


图3 稻田 N_2O 排放通量与硝化细菌及反硝化细菌数量的时间变异趋势

Fig. 3 Temporal variation of N_2O flux and amount of nitrifiers and denitrifiers from rice paddy

数据为各处理平均值,误差线为标准误差

2.4 稻田 N_2O 排放通量与土壤微生物菌群的多元回归

相关分析显示, N_2O 排放通量与土壤微生物总活性间相关不显著($P>0.05$),而与硝化细菌和反硝化细菌数量均呈显著正相关($P<0.05$)。R 软件一元回归分析显示, N_2O 排放通量与硝化细菌的关系可用对数或二次多项式模型拟合(表2),而且由硝化细菌数量可单独解释至少 65.10% 的 N_2O 排放(决定系数 $R^2 \geq 0.651$),但二次多项式拟合效果好于对数拟合。而对于反硝化细菌数量与 N_2O 排放通量的关系,也可用对数和二次多项式模型拟合,尽管两种拟合模型的决定系数较低,但通过反硝化细菌数量仍能单独解释至少 63.36% 的 N_2O 排放。还发现两类细菌数量间的密切相关关系,硝化细菌与反硝化细菌数量的 Spearman 秩相关系数 $\rho = 0.5528$ ($P<0.01$, $df=20$),硝化和反硝化两个过程的可逆性使两类主要参与菌种密切联系到一起。如果考虑二元拟合(表2),发现二者联合起来即可解释至少 70.40% 的 N_2O 排放,第二种回归模型的决定系数更是达到 75.23%。

3 讨论

3.1 稻田 CH_4 排放通量与土壤微生物菌群的关系

本研究发现了稻田 CH_4 排放通量与土壤微生物总活性及产甲烷菌数量的非线性正相关关系以及二元非

表 2 稻田 N_2O 排放通量与硝化细菌及反硝化细菌数量的回归模型Table 2 Regression model of N_2O flux and amount of nitrifiers and denitrifiers

	回归模型 Regression model	df	R^2	P
硝化细菌 Nitrifiers	$F_n = 4.46 \times \log(ni)$ $F_n = 2.51 \times 10^{-5} \times ni - 0.011 \times 10^{-10} \times ni^2$	15 14	0.651 0.7013	5.53×10^{-5} 8.34×10^{-5}
反硝化细菌 Denitrifiers	$F_n = 3.386 \times \log(den)$ $F_n = 1.3 \times 10^{-5} \times den - 0.00291 \times 10^{-10} \times den^2$	15 14	0.6336 0.6642	8.04×10^{-5} 0.0002
二元 Dualistic	$F_n = 0.6659 \times 10^{-5} \times ni + 2.095 \times \log(den)$ $F_n = 2.44 \times 10^{-5} \times ni + 0.898 \times 10^{-5} \times den - 0.0213 \times 10^{-10} \times ni \times den$	14 13	0.704 0.7523	7.82×10^{-5} 8.23×10^{-5}

F_n 代表 N_2O 排放通量 ($\mu g/m^2/h$), ni 代表硝化细菌数量 (10^5 细胞/g), den 代表反硝化细菌数量 (10^5 细胞/g), $\log$ 为以 10 为底的对数

线性回归模型(图 2),另有研究则发现了稻田 CH_4 排放通量与产甲烷菌数量及嗜 CH_4 菌数量的一元正相关关系^[25, 27],虽然没有观测嗜 CH_4 菌数量的变化,但发现,只用产甲烷菌数量就能解释高达 96.94% 的 CH_4 排放通量,这说明在淹水稻田中,产甲烷菌在 CH_4 “产生—再氧化”平衡体系中占据了优势,因此, CH_4 排放主要取决于产甲烷菌,陈中云等^[25]就指出,当产甲烷菌数量低于 10^4 细胞/g 时,水稻田中几乎观测不到 CH_4 排放。从以往研究^[30-31]可知,稻田 CH_4 主要集中于生长季中前期的淹水期,这一阶段水稻生长旺盛,土壤养分充足,产甲烷菌活性和数量均较高,后期即使复水后(中期晒田处理后期进行低密度间歇灌溉,淹灌处理后田间水层也较低),土壤含水量也较低,土壤孔隙度明显大于前期,产甲烷菌活性也大大降低,土壤产生的 CH_4 绝大部分被氧化掉了,所以整个水稻生育期观测到的 CH_4 与产甲烷菌数量呈极为显著的正相关关系,这证明了 CH_4 产生过程对产甲烷菌的依赖。另一个在沈阳稻田的试验只发现 CH_4 排放通量与发酵菌群活性间的显著相关^[26],也发现了 CH_4 排放通量与土壤微生物总活性间的极显著正相关(图 2)。其实,产甲烷菌与微生物总活性不仅变异上显著相关,而且在产 CH_4 过程中二者也密切联系。 CH_4 来自于产甲烷菌的发酵过程,其基础是土壤基质特别是活性有机质的分解,微生物总活性的大小反映这个分解过程的强弱,在较强的微生物活性基础上,产甲烷菌才能更好的参与产 CH_4 的过程。因此,产甲烷菌是 CH_4 排放通量的直接影响因素,其影响要比作为间接因素的微生物总活性大。另一项在东北稻田的研究也进行了 CH_4 排放通量与产甲烷菌的回归分析^[27],不过只得出了一元线性回归结果,笔者认为,这种分析是不够的,因为发现 CH_4 与土壤微生物菌群活性和数量的非线性拟合模型决定系数远高于线性拟合,而多元回归拟合又高于一元回归。

3.2 稻田 N_2O 排放通量与土壤微生物菌群的关系

有研究发现了 N_2O 排放负通量^[9, 36],本试验验证了这个结论。一般认为反硝化细菌主导的反硝化过程是 N_2O 的主要产生过程,但表 2 所示回归结果表明 N_2O 排放通量与硝化细菌的关系强于反硝化细菌,这是因为在水稻田土壤水分含量相对较高的条件下,较多由反硝化过程产生的 N_2O 都被还原为氮气或溶于水中,观测到的正排放通量多数来自硝化过程。与 CH_4 类似,以往关于 N_2O 与微生物菌群的回归分析也只停留在一元线性拟合阶段^[27],结果表明(表 2),两类细菌的二元非线性回归模型可以更客观的揭示其与 N_2O 排放通量的关系。

在温室气体产生影响因素中,土壤反应底物和微生物菌群数量均具有重要地位。本文的分析是针对多种管理措施平均值进行的,因此,分析结果可能掩盖了每种处理导致的底物差异对温室气体排放通量的影响,而强化了作为直接因素的微生物菌群数量的影响。实际上,各种管理措施作为外界环境因素,对温室气体排放通量的影响都要通过对各种产气微生物的影响而实现。后续研究会着重分析某类管理措施对温室气体排放和产气微生物的影响。

4 结论

受多种田间管理措施的综合影响,稻田温室气体排放通量与微生物总活性及产气微生物菌群均具有明显的季节变化趋势。 CH_4 排放通量与土壤微生物总活性和产甲烷菌数量密切相关,其与后二者的关系可由一元或二元非线性模型拟合。 N_2O 排放通量与硝化细菌和反硝化细菌数量密切相关,未发现其与微生物总活性的

显著相关,其与两类细菌数量间的关系亦可由一元或二元非线性模型拟合。对于两种温室气体与微生物菌群的关系,多元非线性回归的拟合结果均好于一元回归。研究表明,欲从微生物学角度揭示温室气体排放的规律,应该进行基于大田试验的多元非线性回归分析。

References:

- [1] Guo J P, Zhou C D. Greenhouse gas emissions and mitigation measures in Chinese agroecosystems. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2007, 142(2/4): 270-277.
- [2] Song W Z, Wang S B, Su W H, Zeng J H, Wang Z P, Zhang Y M. Agricultural activities and emissions of greenhouse gases in China region. *Environmental Science*, 1996, 17(1): 85-92.
- [3] Bouwman A F. *Soils and the Greenhouse Effect*. Chichester: John Wiley and Sons, 1990.
- [4] Schütz H, Holzapfel-Pschorn A, Conrad R, Rennenberg H, Seiler W. A 3-year continuous record on the influence of daytime, season, and fertilizer treatment on methane emission rates from an Italian rice paddy. *Journal of Geophysical Research*, 1989, 94(D13): 16405-16416.
- [5] Chidthaisong A, Watanabe I. Methane formation and emission from flooded rice soil incorporated with ^{13}C -labeled rice straw. *Soil Biology and Biochemistry*, 1997, 29(8): 1173-1181.
- [6] Le Mer J, Roger P. Production, oxidation, emission and consumption of methane by soils: a review. *European Journal of Soil Biology*, 2001, 37(1): 25-50.
- [7] Woese C R, Magrum L J, Fox G E. Archaeobacteria. *Journal of Molecular Evolution*, 1978, 11(3): 245-252.
- [8] Garcia J L, Patel B K C, Ollivier B. Taxonomic, phylogenetic, and ecological diversity of methanogenic *Archaea*. *Anaerobe*, 2000, 6(4): 205-226.
- [9] Bouwman A F. Exchange of greenhouse gases between terrestrial ecosystems and the atmosphere//Bouwman A F, ed. *Soil and the Greenhouse Effect*. New York: John Wiley and Sons, 1990: 62-127.
- [10] Yoshinari T. Emissions of N_2O from various environments-the use of stable isotope composition of N_2O as a tracer for the studies of N_2O biogeochemical cycling//Revsbech N P, Sørensen J, eds. *Denitrification in Soil and Sediment*. New York: Plenum Press, 1990: 129-150.
- [11] Conrad R. Flux of NO_x between soil and atmosphere: importance and soil microbial metabolism//Revsbech N P, Sørensen J, eds. *Denitrification in Soil and Sediment*. New York: Plenum Press, 1990: 105-128.
- [12] Smith C J, Wright M F, Patrick W H Jr. The effect of soil redox potential and pH on the reduction and production of nitrous oxide. *Journal of Environmental Quality*, 1983, 12(2): 186-188.
- [13] Ugalde D, Brungs A, Kaebnick M, McGregor A, Slattery B. Implications of climate change for tillage practice in Australia. *Soil and Tillage Research*, 2007, 97(2): 318-330.
- [14] Kimochi Y, Inamori Y, Mizuochi M, Xu K Q, Matsumura M. Nitrogen removal and N_2O emission in a full-scale domestic wastewater treatment plant with intermittent aeration. *Journal of Fermentation and Bioengineering*, 1998, 86(2): 202-206.
- [15] Hu Z, Zhang J, Li S P, Xie H J, Wang J H, Zhang T T, Li Y R, Zhang H Y. Effect of aeration rate on the emission of N_2O in anoxic-aerobic sequencing batch reactors (A/O SBRs). *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2010, 109(5): 487-491.
- [16] Akiyama H, Yagi K, Yan X Y. Direct N_2O emissions from rice paddy fields: summary of available data. *Global Biogeochemical Cycles*, 2005, 19(1): GB1005.
- [17] Minami K. Atmospheric methane and nitrous oxide: sources, sinks and strategies for reducing agricultural emissions. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 1997, 49(1/3): 203-211.
- [18] Liu S W, Qin Y M, Zou J W, Liu Q H. Effects of water regime during rice-growing season on annual direct N_2O emission in a paddy rice-winter wheat rotation system in southeast China. *Science of The Total Environment*, 2010, 408(4): 906-913.
- [19] IPCC. *Climate Change 2007: Synthesis Report*. Intergovernmental Panel on Climate Change Fourth Assessment Report. Geneva: IPCC, 2007.
- [20] Peter Mayer H, Conrad R. Factors influencing the population of methanogenic bacteria and the initiation of methane production upon flooding of paddy soil. *FEMS Microbiology Letters*, 1990, 73(2): 103-111.
- [21] Zheng J F, Zhang P J, Pan G X, Li L Q, Zhang X H. Effect of long term different fertilization on methane oxidation potential and diversity of methanotrophs of paddy soil. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(10): 4864-4872.
- [22] Ma Y, Chen Z L. Effects of enrofloxacin on molecular diversity of nitrous oxide reductase genes (*nosZ*). *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(4): 1011-1017.
- [23] Gu Y F, Zhang X P, Tu S H, Sun X F, Lindström K. Effect of long-term fertilization on nitrification and nitrobacteria community in a purple paddy soil under rice-wheat rotations. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(5): 2123-2130.

- [24] Chen Z, Yuan H C, Wu J S, Wei W X. Activity and composition of the denitrifying bacterial community respond differently to long-term fertilization. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(11): 5923-5929.
- [25] Chen Z Y, Min H, Chen M C, Zhao Y H. Studies on relationships among methane emission and methane-oxidizing and methanogenic bacteria in three types of rice-field soil. *Acta Ecologica Sinica*, 2001, 21(9): 1498-1505.
- [26] Hou A X, Chen G X, Wang Z P, van Cleemput O, Patrick W H Jr. Methane and nitrous oxide emissions from a rice field in relation to soil redox and microbiological processes. *Soil Science Society of America Journal*, 2000, 64(6): 2180-2186.
- [27] Yue J, Huang G H, Liang W, Jiao Z H, Liang Z B, Wang C R, Shi Y. Relationship between CH_4 and N_2O emissions and related microorganism populations in paddy soils under different water management regimes. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2003, 14(12): 2273-2277.
- [28] Anderson I C, Levine J S. Relative rates of nitric oxide and nitrous oxide production by nitrifiers, denitrifiers, and nitrate respirers. *Applied and Environmental Microbiology*, 1986, 51(5): 938-945.
- [29] Wrage N, Velthof G L, van Beusichem M L, Oenema O. Role of nitrifier denitrification in the production of nitrous oxide. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(12/13): 1723-1732.
- [30] Qin X B, Li Y E, Liu K Y, Wan Y F. Methane and nitrous oxide emission from paddy field under different fertilization treatments. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2006, 22(7): 143-148.
- [31] Qin X B, Li Y E, Liu K Y, Wan Y F, Gao Q Z. The effect of long-term fertilization treatment on methane emission from rice fields in Hunan. *Chinese Journal of Agrometeorology*, 2006, 27(1): 19-22.
- [32] Xu G H, Zheng H Y. *Manual of Analytical Methods for Soil Microorganisms*. Beijing: Agriculture Press, 1986: 110-128.
- [33] Qian Z S, Min H. *Biogas Fermentative Microbiology*. Hangzhou: Zhejiang Science and Technology Press, 1986.
- [34] Min H, Chen M C, Qian Z S. Effect of different cultivation conditions on the release of methane, the amounts of methanogens and methane-oxidizing bacteria in rice paddy soil. *Agro-Environmental Protection*, 1994, 13(1): 7-11.
- [35] R Development Core Team. *R Development Core Team R: a language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010, ISBN 3-900051-07-0.
- [36] Chapuis-Lardy L, Wrage N, Metay A, Chotte J L, Bernoux M. Soils, a sink for N_2O ? A review. *Global Change Biology*, 2007, 13(1): 1-17.

参考文献:

- [21] 郑聚锋, 张平究, 潘根兴, 李恋卿, 张旭辉. 长期不同施肥下水稻土甲烷氧化能力及甲烷氧化菌多样性的变化. *生态学报*, 2008, 28(10): 4864-4872.
- [22] 马驿, 陈杖榴. 恩诺沙星残留对土壤中反硝化细菌氧化二氮还原酶基因 (*nosZ*) 多样性的影响. *生态学报*, 2010, 30(4): 1011-1017.
- [23] 辜运富, 张小平, 涂仕华, 孙锡发, Lindström K. 长期定位施肥对紫色水稻土硝化作用及硝化细菌群落结构的影响. *生态学报*, 2008, 28(5): 2123-2130.
- [24] 陈哲, 袁红朝, 吴金水, 魏文学. 长期施肥制度对稻田土壤反硝化细菌群落活性和结构的影响. *生态学报*, 2009, 29(11): 5923-5929.
- [25] 陈中云, 闵航, 陈美慈, 赵宇华. 不同水稻土甲烷氧化菌和产甲烷菌数量与甲烷排放量之间相关性的研究. *生态学报*, 2001, 21(9): 1498-1505.
- [27] 岳进, 黄国宏, 梁巍, 焦志华, 梁战备, 王琛瑞, 史奕. 不同水管理下稻田土壤 CH_4 和 N_2O 排放与微生物菌群的关系. *应用生态学报*, 2003, 14(12): 2273-2277.
- [30] 秦晓波, 李玉娥, 刘克樱, 万运帆. 不同施肥处理稻田甲烷和氧化亚氮排放特征. *农业工程学报*, 2006, 22(7): 143-148.
- [31] 秦晓波, 李玉娥, 刘克樱, 万运帆, 高清竹. 长期施肥对湖南稻田甲烷排放的影响. *中国农业气象*, 2006, 27(1): 19-22.
- [32] 许光辉, 郑洪元. *土壤微生物分析方法手册*. 北京: 农业出版社, 1986: 110-128.
- [33] 钱泽澍, 闵航. *沼气发酵微生物学*. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1986.
- [34] 闵航, 陈美慈, 钱泽澍. 不同栽培措施对水稻田甲烷释放, 甲烷产生菌和甲烷氧化菌的影响. *农业环境保护*, 1994, 13(1): 7-11.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 32, No. 6 March, 2012 (Semimonthly)

CONTENTS

Quantitatively monitoring undergoing degradation of plateau grassland by remote sensing data; a case study in Maqu County, Gansu Province, China	ZHOU Jianhua, WEI Huaidong, CHEN Fang, et al (1663)
Using periphyton assemblages to assess stream conditions of Taizi River Basin, China	YIN Xuwang, QU Xiaodong, LI Qingnan, et al (1677)
Water-holding capacity of an evergreen broadleaf forest in Ailao Mountain and its functions in mitigating the effects of Southwest China drought	QI Jinhua, ZHANG Yongjiang, ZHANG Yiping, et al (1692)
The relationship between protistan community and water quality along the coast of Qingdao	YANG Jinpeng, JIANG Yong, HU Xiaozhong (1703)
Simulation of effects of warming on carbon budget in alpine meadow ecosystem on the Tibetan Plateau	QI Weiwei, NIU Haishan, WANG Shiping, et al (1713)
Features of leaf photosynthesis and leaf nutrient traits in reservoir riparian region of Three Gorges Reservoir, China	JIE Shenglin, FAN Dayong, XIE Zongqiang, et al (1723)
Spatio-temporal distribution of fish in the Pengxi River arm of the Three Gorges reservoir	REN Yuqin, CHEN Daqing, LIU Shaoping, et al (1734)
Analysis on allelochemicals in the cell-free Filtrates of <i>Amphidinium carterae</i>	JI Xiaoqing, HAN Xiaotian, YANG Baijuan, et al (1745)
Effect of starvation on expression patterns of the MYP gene in <i>Strongylocentrotus intermedius</i>	QIN Yanjie, SUN Bolin, LI Xia, et al (1755)
Habitat selection of feral yak in winter and spring in the Helan Mountains, China	ZHAO Chongnan, SU Yun, LIU Zhensheng, et al (1762)
Using cellular automata to study patchy spread in a predator-prey system	YANG Li, LI Weide (1773)
Effects of insect-resistant transgenic <i>Bt</i> rice with a fused <i>Cry1Ab+Cry1Ac</i> gene on population dynamics of the stem borers, <i>Chilo suppressalis</i> and <i>Sesamia inferens</i> , occurring in paddyfield	LI Zhiyi, SUI He, XU Yanbo, et al (1783)
Effect of spectral sensitivity and intensity response on the phototaxis of <i>Frankliniella Occidentalis</i> (Pergande)	FAN Fan, REN Hongmin, LU Lihua, et al (1790)
The synergistic action and UV protection of optical brightener on three different geographic isolates of Asian Gypsy Moth Nucleopolyhedrovirus (LdMNPV)	WANG Shujuan, DUAN Liqing, LI Haiping, et al (1796)
The availability of trace elements in an oasis soil under different utilization intensity in an arid area in China	LI Haifeng, ZENG Fanjiang, GUI Dongwei, et al (1803)
Multivariate regression analysis of greenhouse gas emissions associated with activities and populations of soil microbes in a double-rice paddy soil	QIN Xiaobo, LI Yu'e, SHI Shengwei, et al (1811)
Distribution characteristics of humus fraction in soil profile for the typical regions in the Loess Plateau	DANG Ya'ai, LI Shiqing, WANG Guodong (1820)
N ₂ O emissions from vegetable farmland with purple soil and the main factors influencing these emissions	YU Yajun, WANG Xiaoguo, ZHU Bo (1830)
Relationships between carbon source utilization of soil microbial communities and environmental factors in natural secondary forest in subtropical area, China	WANG Yun, OUYANG Zhiyun, ZHENG Hua, et al (1839)
Numerical soil classification using fuzzy K-means algorithm and predictive soil mapping at regional scale	LIU Pengfei, SONG Xuan, LIU Xiaobing, et al (1846)
Releasing characteristics of nonpoint source pollutants from straws under submerging condition	YANG Zhimin, CHEN Yucheng, ZHANG Yun, et al (1854)
Effects of delayed irrigation at jointing stage on nitrogen accumulation and its allocation, and NO ₃ -N migration in wheat	WANG Hongguang, YU Zhenwen, ZHANG Yongli, et al (1861)
Risk division on winter wheat suffering from spring wet damages in Jiangsu Province	WU Hongyan, GAO Ping, XU Weigen, et al (1871)
Determination of the initial depth of water uptake by roots of steppe plants in restored and overgrazed communities, Inner Mongolia, China	GUO Yuran, WANG Wei, LIANG Cunzhu, et al (1880)
Fine root architecture and morphology among different branch orders of six subtropical tree species	XIONG Decheng, HUANG Jinxue, YANG Zhijie, et al (1888)
Numerical analysis of inter-specific relationships in Alpine steppe community in Bayanbulak	FANG Fei, HU Yukun, ZHANG Wei, et al (1898)
Analysis of shade-tolerance and determination of evaluation indicators of shade-tolerance in seedlings of <i>Chrysanthemum grandiflorum</i> and its closely related genera	SUN Yan, GAO Haishun, GUAN Zhiyong, et al (1908)
Effect of the parasitic <i>Cuscuta australis</i> on the community diversity and the growth of <i>Alternanthera philoxeroides</i>	WANG Rukui, GUAN Ming, LI Yonghui, et al (1917)
Diversity and community structure of basidiomycete laccase gene from subtropical broad-leaved and coniferous forest ecosystems based on cDNA cloning	CHEN Xiangbi, SU Yirong, HE Xunyang, et al (1924)
Fine root longevity and controlling factors in subtropical <i>Alingia grilipes</i> and <i>Castanopsis carlesii</i> forests	HUANG Jinxue, LING Hua, YANG Zhijie, et al (1932)
Linear programming and optimal distribution of the forest resources based on TM remote sensing images	DONG Bin, CHEN Liping, WANG Ping, et al (1943)
Urban green space landscape patterns and thermal environment investigations based on computational fluid dynamics	LIU Yanhong, GUO Jinping, WEI Qingshun (1951)
Review and Monograph	
Review of the ecological compensation efficiency	ZHAO Xueyan (1960)
Scientific Note	
The effects of petroleum exploitation on water quality bio-assessment and benthic macro-invertebrate communities in the Yellow River Delta wetland, Dongying	CHEN Kai, XIAO Nengwen, WANG Beixin, et al (1970)

《生态学报》2012 年征订启事

《生态学报》是中国生态学学会主办的自然科学高级学术期刊,创刊于 1981 年。主要报道生态学研究原始创新性科研成果,特别欢迎能反映现代生态学发展方向的优秀综述性文章;研究简报;生态学新理论、新方法、新技术介绍;新书评介和学术、科研动态及开放实验室介绍等。

《生态学报》为半月刊,大 16 开本,280 页,国内定价 70 元/册,全年定价 1680 元。

国内邮发代号:82-7 国外邮发代号:M670 标准刊号:ISSN 1000-0933 CN 11-2031/Q

全国各地邮局均可订阅,也可直接与编辑部联系购买。欢迎广大科技工作者、科研单位、高等院校、图书馆等订阅。

通讯地址:100085 北京海淀区双清路 18 号 电 话:(010)62941099; 62843362

E-mail: shengtaixuebao@rcees.ac.cn 网 址: www.ecologica.cn

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 32 卷 第 6 期 (2012 年 3 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 6 2012

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:1000717	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@csbg.net	Distributed by	Science Press Add: 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel: (010)64034563 E-mail: journal@csbg.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