

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第 32 卷 第 10 期 Vol.32 No.10 **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 10 期

2012 年 5 月 (半月刊)

目次

基于系统动力学的城市住区形态变迁对城市代谢效率的影响.....	李旋旗,花利忠 (2965)
居住-就业距离对交通碳排放的影响	童抗抗,马克明 (2975)
经济学视角下的流域生态补偿制度——基于一个污染赔偿的算例	刘涛,吴钢,付晓 (2985)
旅游开发对上海滨海湿地植被的影响.....	刘世栋,高峻 (2992)
汶川地震对大熊猫主食竹——拐棍竹竹笋生长发育的影响.....	廖丽欢,徐雨,冉江洪,等 (3001)
江西省森林碳蓄积过程及碳源/汇的时空格局.....	黄麟,邵全琴,刘纪远 (3010)
伊洛河流域草本植物群落物种多样性.....	陈杰,郭屹立,卢训令,等 (3021)
新疆绿洲农田不同连作年限棉花根际土壤微生物群落多样性.....	顾美英,徐万里,茆军,等 (3031)
荒漠柠条锦鸡儿 AM 真菌多样性.....	贺学礼,陈杰,郭辉娟,等 (3041)
彰武松、樟子松光合生产与蒸腾耗水特性	孟鹏,李玉灵,尤国春,等 (3050)
中亚热带常绿阔叶林粗木质残体呼吸季节动态及影响因素.....	刘强,杨智杰,贺旭东,等 (3061)
盐土和沙土对新疆常见一年生盐生植物生长和体内矿质组成的影响	张科,田长彦,李春俭 (3069)
长白山北坡林线灌木草本植物与岳桦的动态关系.....	王晓东,刘惠清 (3077)
不同生态条件对烤烟形态及相关生理指标的影响.....	颜侃,陈宗瑜 (3087)
基于因子分析的首蓿叶片叶绿素高光谱反演研究	肖艳芳,官辉力,周德民 (3098)
三峡库区消落带水淹初期土壤种子库月份动态.....	王晓荣,程瑞梅,唐万鹏,等 (3107)
三种利用方式对羊草草原土壤氨氧化细菌群落结构的影响.....	邹雨坤,张静妮,陈秀蓉,等 (3118)
西洋参根残体对自身生长的双重作用	焦晓林,杜静,高微微 (3128)
不同程度南方菟丝子寄生对入侵植物三叶鬼针草生长的影响	张静,闫明,李钧敏 (3136)
山东省部分水岸带土壤重金属含量及污染评价.....	张菊,陈诗越,邓焕广,等 (3144)
太湖蓝藻死亡腐烂产物对狐尾藻和水质的影响.....	刘丽贞,秦伯强,朱广伟,等 (3154)
不同生态恢复阶段无瓣海桑人工林湿地中大型底栖动物群落的演替.....	唐以杰,方展强,钟燕婷,等 (3160)
江西鄱阳湖流域中华秋沙鸭越冬期间的集群特征.....	邵明勤,曾宾宾,尚小龙,等 (3170)
秦岭森林鼠类对华山松种子捕食及其扩散的影响	常罡,王开锋,王智 (3177)
内蒙古草原小毛足鼠的活动性、代谢特征和体温的昼夜节律	王鲁平,周顺,孙国强 (3182)
温度和紫外辐射胁迫对西藏飞蝗抗氧化系统的影响.....	李庆,吴蕾,杨刚,等 (3189)
“双季稻-鸭”共生生态系统 C 循环	张帆,高旺盛,隋鹏,等 (3198)
水稻籽粒灌浆过程中蛋白质表达特性及其对氮肥运筹的响应.....	张志兴,陈军,李忠,等 (3209)
专论与综述	
海水富营养化对海洋细菌影响的研究进展	张瑜斌,章洁香,孙省利 (3225)
海洋酸化效应对海水鱼类的综合影响评述.....	刘洪军,张振东,官曙光,等 (3233)
入侵种薇甘菊防治措施及策略评估.....	李鸣光,鲁尔贝,郭强,等 (3240)
研究简报	
渭干河-库车河三角洲绿洲土地利用/覆被时空变化遥感研究	孙倩,塔西甫拉提·特依拜,张飞,等 (3252)
2009 年冬季东海浮游植物群集	郭术津,孙军,戴民汉,等 (3266)
新疆野生多伞阿魏生境土壤理化性质和土壤微生物.....	付勇,庄丽,王仲科,等 (3279)
塔里木盆地塔里木沙拐枣群落特征	古丽努尔·沙比尔哈孜,潘伯荣,段士民 (3288)
矿区生态产业共生系统的稳定性.....	孙博,王广成 (3296)
期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 338 * zh * P * ¥70.00 * 1510 * 36 * 2012-05	



封面图说: 哈巴雪山和金沙江——“三江并流”自然景观位于青藏高原南延部分的横断山脉纵谷地区,由怒江、澜沧江、金沙江及其流域内的山脉组成。它地处东亚、南亚和青藏高原三大地理区域的交汇处,是世界上罕见的高山地貌及其演化的代表地区,也是世界上生物物种最丰富的地区之一。哈巴雪山在金沙江左岸,与玉龙雪山隔江相望。图片反映的是金沙江的云南香格里拉段,远处为哈巴雪山。哈巴雪山主峰海拔 5396 m,而最低江面海拔仅为 1550 m,山脚与山顶的气温差达 22.8℃,巨大的海拔差异形成了明显的高山垂直性气候。

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

DOI: 10.5846/stxb201104120480

邹雨坤, 张静妮, 陈秀蓉, 杨殿林, 张天瑞, 文都日乐, 王丽. 三种利用方式对羊草草原土壤氨氧化细菌群落结构的影响. 生态学报, 2012, 32(10): 3118-3127.

Zou Y K, Zhang J N, Chen X R, Yang D L, Zhang T R, Wendu R L, Wang L. Effects of three land use patterns on diversity and community structure of soil ammonia-oxidizing bacteria in *Leymus chinensis* steppe. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(10): 3118-3127.

三种利用方式对羊草草原土壤氨氧化细菌群落结构的影响

邹雨坤^{1,2}, 张静妮¹, 陈秀蓉², 杨殿林^{1,*}, 张天瑞^{1,2}, 文都日乐¹, 王 丽¹

(1. 农业部环境保护科研监测所, 天津 300191;

2. 甘肃农业大学草业学院, 草业生态系统教育部重点实验室, 中-美草地畜牧业可持续发展研究中心, 兰州 730070)

摘要: 以内蒙古呼伦贝尔羊草草原为研究对象, 利用聚合酶链式反应-变性梯度凝胶电泳 (PCR-DGGE) 技术及扩增产物序列分析方法比较研究了刈割、放牧和围栏封育 3 种利用方式对羊草草原土壤氨氧化细菌多样性和系统发育的影响, 结果表明: 羊草草原土壤中氨氧化细菌的优势类群为亚硝化螺旋菌属和亚硝化单孢菌属的细菌, 分别占氨氧化细菌总数的 72.4% 和 28.6%, Cluster 4 和 Cluster 6 在各个样地中均为优势类群但所占比例不同, 放牧样地中氨氧化细菌的多样性最高, 逐步回归分析的结果表明, 影响多样性指数的关键理化因子是土壤硝态氮含量。放牧样地中脲酶活性和硝化率都显著高于其他两种利用方式, 其中, 脲酶活性与土壤硝态氮和全磷含量表现出极显著的相关性, 与速效磷含量表现出显著相关性; 而硝化率仅与硝态氮含量表现出显著相关性。不同利用方式土壤氨氧化细菌群落与土壤理化因子的典范对应分析结果表明铵态氮的含量对氨氧化细菌群落的影响显著。

关键词: 氨氧化细菌; 羊草草原; 多样性; 系统发育分析

Effects of three land use patterns on diversity and community structure of soil ammonia-oxidizing bacteria in *Leymus chinensis* steppe

ZOU Yukun^{1,2}, ZHANG Jingni¹, CHEN Xiurong², YANG Dianlin^{1,*}, ZHANG Tianrui^{1,2}, WENDU Rile¹, WANG Li¹

1 Agro-Environmental Protection Institute, Ministry of Agriculture, Tianjin 300191, China

2 Key Laboratory of Grassland Ecosystem Ministry of Education, Sino-U. S. Centers for Grazing land Ecosystem Sustainability, Pratacultural College, Gansu Agricultural University Lanzhou, 730070, China

Abstract: Available nitrogen is not only one of the most important limitation resources to manipulate primary productivity, but also a major factor to decide species composition in a grassland ecosystem. Chemolithotrophic nitrification is a two-step process, consisting of the conversion of ammonia to nitrite then further to nitrate. Those steps are involved two different groups of organisms, the ammonia-oxidizing bacteria (AOB) and the nitrite-oxidizing bacteria (NOB), respectively. In this study, the active AOB community was investigated by using approaches of polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) and sequences analysis on the *Leymus chinensis* steppes with three of mowing, grazing and fencing treatments respectively in Hulunbeier steppe of Inner Mongolia. Sampling in August 2008 when vegetation was at its best condition. Samples were taken at depths of 0—0.20m. The community structure and diversity of

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31000242, 30770367, 31170435)

收稿日期: 2011-04-12; 修订日期: 2011-10-09

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: dlyang@caas.net.cn

the bacterial groups from the different samples was further analyzed by using different techniques, such as statistical analysis and diversity index evaluation of the band patterns etc. The results showed that grazing activity significantly increased the number of species and quantities of AOB, as well as the diversity. A total of 21 sequences representing 21 different sequence types were recovered from the DGGE gels after phylogenetic reconstructions. The results further revealed that most sequences were coming from *Nitrospira* and *Nitrosomonas* of β -*Proteobacteria*, with accounting for 72.4% and 28.6% respectively. Cluster 4 of *Nitrospira* existed in grazing, mowing and fencing plots with accounting for 25.0%, 27.2% and 26.3% respectively in their dominant AOB. And Cluster 6 of *Nitrosomonas* existed in grazing, mowing and fencing plots, those accounted for 33.1%, 18.1% and 21.1% respectively in their dominant AOB. Analyze of stepwise regression showed that the key soil physicochemical factor which influence the diversity index most is the content of nitrate nitrogen. Urease activity and nitrate rate in grazing plot were both higher than the other land use patterns. The content of nitrate nitrogen and total phosphorus were both extremely significant ($P < 0.01$) correlated with urease activity, and there is a significant ($P < 0.05$) relationship between urease activity and the content of available phosphorus; at the same time, there is also a significant relationship between nitrate rate and nitrate nitrogen contents. AOB communities in *Leymus chinensis* steppe were significantly ($P < 0.05$) influenced by the levels of ammonium nitrogen when canonical correspondence analysis was employed to identify relationship between AOB and soil physicochemical factors under different land use patterns. Based on the above findings, it seems that nitrogen cycles represent the key links between above and below ground ecosystems. Land use patterns in *Leymus chinensis* steppe have significant and long-term impacts on the size and the structure of the soil AOB community at both phylogenetic and functional levels, thus would further affect the transformation and utilization of nitrogen in the steppe ecosystem.

Key Words: ammonia-oxidizing bacteria; *Leymus chinensis* steppe; biodiversity; phylogenetic analysis

氨氧化细菌(ammonia-oxidizing bacteria, AOB)是一类能够将氨氧化为亚硝酸盐的细菌,广泛分布于几乎所有土壤、淡水和海洋环境中^[1]。硝化作用的限速步骤是由氨氧化细菌催化的亚硝化过程,在自然界氮素地球生物化学循环过程中起着重要的作用,因此在微生物生态学中已经建议将其作为一种模式生物^[2]。

目前,已有很多学者在氨氧化细菌的研究中作了大量的工作,Kowalchuk^[3]等利用 PCR-DGGE 技术研究了海滩氨氧化细菌的群落结构组成,Coci^[4]等用培养方法和 DGGE 技术相结合研究了盐度对潮间带沉积物氨氧化细菌时空分布的影响,我国学者肖海峰^[5]应用 CARD-FISH 研究了食细菌线虫对氨氧化细菌数量的影响,钟文辉^[6]等应用 PCR-DGGE 技术研究了种植水稻和长期施用无机肥对红壤氨氧化细菌多样性和硝化作用的影响,文都日乐^[7]等应用 PCR-DGGE 技术研究了呼伦贝尔不同草地类型土壤氨氧化菌的群落结构,但未见有关不同利用方式对草原氨氧化细菌多样性及群落结构影响的报道。因此,本文应用 PCR-DGGE 技术及扩增产物序列分析方法比较研究了不同利用方式对羊草(*Leymus chinensis*)草原土壤氨氧化细菌多样性的影响,并且通过测定土壤脲酶活性、硝化率以及土壤理化性质并分析其与氨氧化细菌多样性及群落结构之间的关系探索不同利用方式影响土壤氨氧化细菌多样性及群落结构的原因。旨在阐明氨氧化细菌多样性及其对草地利用方式的响应,能够为制定合理的草原利用对策、保护生物多样性和维持草地生态系统的可持续发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样地概况

研究区位于内蒙古呼伦贝尔市陈巴尔虎旗境内,地处东经 119°04',北纬 49°14',年均气温-2.5℃,海拔 630—650 m,年均降水量 300—350 mm,≥10℃年积温 1800—2100℃,无霜期 95—105 d,土壤类型为栗钙土。植被类型为羊草(*L. chinensis*)典型草原,常见种有大针茅(*Stipa grandis*)、冰草(*Agropyron cristatum*)、斜茎黄芩(*Astragalus adsurgens*)、草地麻花头(*Serratula centauroides*)和草地早熟禾(*Poa pratensis*)等,共有植物 52 种,

分属 15 科 36 属。

1.2 样地设置与样品采集

在羊草草原植被典型、地势平缓开阔的典型地段,选择围封样地、刈割样地和放牧样地各 3 个,样地间的植被、土壤、地形条件和利用年限一致。围封样地自 2001 年围封,实行全年封禁;刈割地每年秋季刈割 1 次;以围栏外自由放牧的草地作为放牧样地,属中等利用强度。在试验区每个样地内按照 S 型曲线选择 40 个点,去除表面植被,用直径为 5 cm 的土钻,取 0—20 cm 土壤,最后将 40 份土样混匀过筛,去除根系和土壤入侵物,采用“四分法”选取 1 kg 土样冷藏带回实验室保存于 -70 ℃ 超低温冰箱,土壤理化因子测定结果如表 1 所示。

1.3 土壤脲酶活性的测定

土壤脲酶活性采用靛酚蓝比色法测定,其活性以培养 24 h 后每克风干土壤中 NH-N 的毫克数来表示^[8]。

表 1 羊草草原不同利用方式下土壤理化因子测定结果

Table 1 Results of soil physicochemical factors in *L. chinensis* steppe under different land use patterns

利用方式 Land use patterns	刈割 Mowing	围封 Fencing	放牧 Grazing
pH	6.3 ± 0.51a	6.8 ± 0.49b	6.4 ± 0.23c
总有机碳 Total Organic Carbon/(g/kg)	22.7 ± 1.53a	23.5 ± 0.95a	23.2 ± 0.73a
全氮 Total Nitrogen/(g/kg)	1.66 ± 0.15a	1.73 ± 0.2a	1.68 ± 0.22a
铵态氮 Ammonium Nitrogen/(mg/kg)	10.05 ± 1.38a	11.45 ± 0.6a	14.70 ± 0.1b
硝态氮 Nitrate Nitrogen/(mg/kg)	2.13 ± 0.28a	2.52 ± 0.23a	4.79 ± 0.57b
全磷 Total Phosphorus/(g/kg)	0.55 ± 0.14a	0.56 ± 0.1a	0.50 ± 0.16a
速效磷 Available Phosphorus/(mg/kg)	3.25 ± 0.13a	3.54 ± 0.09b	3.56 ± 0.1c

同行不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

1.4 土壤硝化率的测定

用室内好气培养法^[9]。每个处理取 10.0 g 鲜土。并调整为相应的土壤田间持水量的 60%,装入 125 mL 广口瓶内,用聚乙烯膜包扎瓶口,并在膜上扎 2 个小孔,然后放在 28 ℃ 人工气候箱内,用质量法校正水分含量变化。培养 30 d 后,分别采用 KCl 浸提-靛蓝比色法和 KCl 浸提-紫外分光光度测定土壤铵态氮和硝态氮含量^[10]。

土壤经培养后,其净硝态氮量与净矿质氮总量之比,即为土壤硝化率(Nitrate Rate)^[6]:

$$\text{土壤硝化率 (Nitrate Rate)} = \frac{\text{净 NO}_3\text{-N}}{\text{净 (NO}_3\text{-N} + \text{NH}_4\text{-N)}} \times 100\%$$

1.5 土壤样品 DNA 的提取

称取保存于 -70 ℃ 的新鲜土壤样品 0.80 g,采用 Ultra Clean DNA extraction kit (Mo Bio Laboratories Inc, California) 试剂盒方法,按照试剂盒说明书最大得率方法 (For maximum yield) 提取土壤总 DNA。

1.6 PCR 扩增

采用巢式 PCR 方法扩增氨氧化细菌目标序列,引物及反应条件见表 2。第一轮 PCR 反应,产物是 465 bp。体系中 0.5 μmol/L 每种引物,25 μL 的 Go Taq Green Master Mix 2×(Promega, USA),20 ng 的模板 DNA;第二轮 PCR 反应,产物是 201 bp,体系中 0.5 μmol/L 每种引物,2.5U 的 Taq DNA 聚合酶(TaKaRa Ex Taq),5 μL 的 10×buffer (including MgCl₂),dNTP200 μmol,第一轮 PCR 产物 4 μL 作为模板,两轮反应均补水 (Promega Nuclease-Free water) 至 50 μL。

1.7 PCR 产物的变性梯度凝胶电泳

应用 DGGE 电泳系统(BIO RAD D Code Universal Mutation System),条件为 8% 聚丙烯酰胺凝胶,变性梯度为 40%—60% (100% 变性剂浓度为 7M 尿素,40% 去离子甲酰胺),取 300 ng PCR 产物,在 60 ℃,120 V 恒定电压电泳 8.5 h。电泳结束后,凝胶立即用 0.01% 的 SYBR Gold Nucleic Acid Gel Stain(Invitrogen Molecular Probes, Eugene, USA) 染色并拍照。

表2 聚合酶链式反应中的引物及反应条件

Table 2 Primers and PCR conditions used for the PCR amplification

巢式 PCR Nested PCR	引物名称 Primer	序列 5'-3' Sequences 5'-3'	反应条件 Reaction conditions
第一轮反应 Step1	cto189fab ^[4] cto189fc ^[4] cto654r ^[4]	GGA GRA AAG CAG GGG ATC G GGA GGA AAG TAG GGG ATC G CTA GCY TTG TAG TTT CAA ACG C	94 ℃ ,3 min;随后 92 ℃ 30 s,57 ℃ 30 s,72 ℃ 45 s, 35 个循环;72 ℃ 5 min ^[3]
第二轮反应 Step2	357f-GC * ^[11] 518r ^[11]	CCT ACG GGA GGC AGC AG ATT ACC GCG GCT GCT GG	95 ℃ ,7 min;随后 94 ℃ 30 s,61 ℃ 30 s(每个循环退火温度降低 0.5 ℃) ,72 ℃ 30s,共 10 个循环;94 ℃ 30 s,56 ℃ 30 s,72 ℃ 30 s,共 25 个循环;最后是 72 ℃ 7 min 30 个循环;72 ℃ 5 min ^[12]

* GC 夹子 GC clamp:CGCCCGCCGCGCCCCGCGCCCGGCCCGCCCGCCCCGCCCC; 兼并碱基化学代码 Chemistry conventions: R = A/G; Y = C/T

1.8 16SrDNA 测序和系统发育分析

选取主要 DGGE 条带, 割胶回收, 用不带 GC 夹子的 357f 和 518r 引物扩增, 用 pMD19-T Vector (TaKaRa) 的连接反应体系酶连, 转化到感受态 *E. coli* JM109 中。蓝白斑筛选后, 挑取白色菌斑用载体引物 M13-47 扩增并筛选阳性克隆, 用液体 LB 培养基 37 °C 摇菌培养过夜, 取 1mL 菌液送上海生工测序。

利用 NCBI-BLAST, 将测序结果与 GenBank 数据库进行序列比对分析, 获取相近典型菌株的基因序列。然后利用 Clustal X 1.83 和 Mega 4.1 中的邻接法 (Neighbor-Joining) 建立氢氧化细菌的系统发育树。

1.9 数据分析

采用 Quantity One 软件(BIO RAD)分析 DGGE 图谱,用 SPSS16.0 进行方差分析(ANOVA)、相关分析(Correlation Analysis)。用 CANOCO 4.5 进行典范对应分析(Canonical Correspondence Analysis, CCA)。

2 结果与分析

2.1 不同利用方式对羊草草原土壤脲酶活性的影响

脲酶是土壤中广泛存在的能够催化尿素水解成氨的酶^[13-14]。羊草草原不同利用方式下土壤脲酶活性差异显著($P<0.05$) (图 1), 放牧样地的土壤脲酶活性显著高于刈割和围封样地, 分别比刈割和放牧样地高 21.9% 和 23.7%, 而刈割与围封样地之间未表现出显著差异, 将脲酶活性与土壤理化性质进行相关性分析的结果表明, 土壤脲酶活性与土壤硝态氮 ($R=0.912$, $P<0.01$) 和全磷 ($R=-0.913$, $P<0.01$) 表现出极显著的相关性, 与速效磷 ($R=0.736$, $P<0.05$) 含量表现出显著相关性。

2.2 不同利用方式对羊草草原土壤硝化率的影响

在 60% 田间持水量保持 28 ℃ 培养 30 d 后,羊草草原不同利用方式下土壤硝化率差异显著 ($P<0.05$) (表 3),表现为放牧>围封>刈割,放牧样地的硝化率分别是刈割和围封样地的 1.41 和 1.26 倍,硝化率与土壤

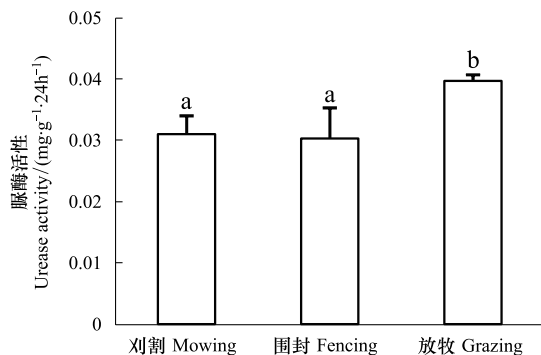


图1 羊草草原不同利用方式土壤脲酶活性

表3 土壤硝化率测定结果

Table 3 Nitrate rate of soil in *L. chinensis* steppe taken under different land use patterns

利用方式 Land use patterns	硝化率(NR) Nitrate Rate/%
刈割 Mowing	14.9±0.4 a
围封 Fencing	16.8±3.2 a
放牧 Grazing	21.2±2.4 b

Fig. 1 Urease activity of soil in *L. chinensis* steppe taken under different land use patterns

理化性质的相关性分析表明,硝化率与土壤硝态氮含量表现出显著相关性($R=0.731$, $P<0.05$),并且硝化率与土壤脲酶活性也表现出显著相关性($R=0.788$, $P<0.05$)。

2.3 不同利用方式对羊草草原氨氧化细菌多样性的影响

对不同利用方式下羊草草原土壤氨氧化细菌进行变性梯度凝胶电泳发现(图2),放牧干扰下,氨氧化细菌的多样性指数显著高于其它两种利用方式。用 DGGE 图谱计算不同利用方式的 Shannon-Weaver(香农威纳)指数 H' , 表现为:放牧>围封>刈割,但围封与刈割样地之间并未表现出显著差异,将土壤氨氧化细菌多样性指数与土壤理化性质的逐步回归分析(Analyze of Stepwise Regression)结果表明,影响多样性指数的关键理化因子是土壤硝态氮含量,从复相关系数的分析可知(表4,表5),作为回归分析中一个因素的硝态氮含量的回归平方占总平方和的 83.3%,说明在回归方程中多样性指数(因变量)与土壤硝态氮(自变量)含量线性联系紧密。判定系数 R^2 测度了回归直线对观测数据的拟合程度,若所有的观测值都落在回归直线上,则 $R^2=1$,表示自变量与因变量呈函数关系, R^2 越接近 1 表明回归直线的拟合程度越好,本研究中 $R^2=0.845$,表明回归直线的拟合程度较好,说明硝态氮含量与香农威纳指数的线性关系拟合度较高。从回归系数分析中(表6)可以看出该回归方程为 $y=1.349+0.252x$ 。从条带的

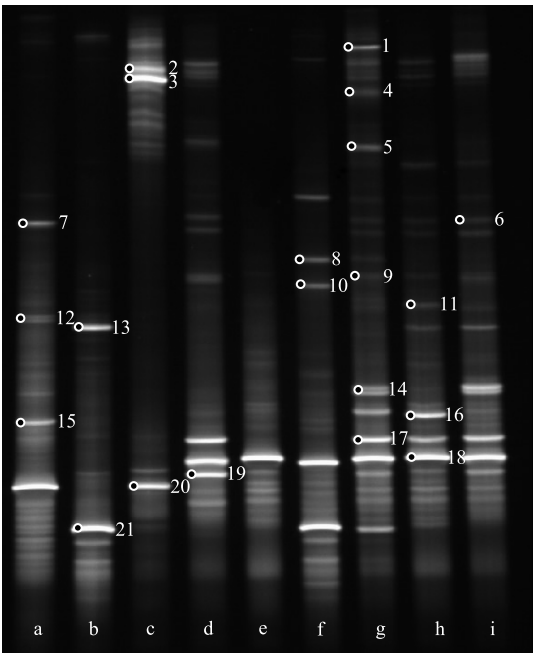


图2 羊草草原不同利用方式氨氧化细菌的 DGGE 电泳图谱
Fig. 2 Ammonia-oxidizing bacteria DGGE fingerprinting of *L. chinensis* steppe taken under different land use patterns
Mowing: a—c; Fencing: d—f; Grazing: g—i

表4 变量的加入/剔除*

Table 4 Variables Entered/Removed *			
模型 Model	加入模型的变量 Variables entered	剔除的变量 Variables removed	方法 Method
1	硝态氮	—	逐步回归 (判定标准: $P\leq0.050$,加入模型; $P>0.010$,从模型中剔除)

* 因变量:香农威纳指数

表5 模型摘要*

Table 5 Model Summary *			
模型 Model	1	模型 Model	1
相关系数 R	0.919 **	判定系数 R^2	0.845
复相关系数 Adjusted R^2	0.833		
回归估计的标准误差 Std. Error of the Estimate	0.14908		

* 因变量:香农威纳指数; ** 预测自变量(常数):硝态氮含量

表6 回归系数*

Table 6 Coefficients *					
模型 Model		非标准化系数 Unstandardized Coefficients		标准化系数 Standardized Coefficients	相伴概率值 Sig.
		B	Std. Error	Beta	
1	常数	1.349	0.138		0.000
	硝态氮	0.252	0.041	0.919	0.000

* 因变量:香农威纳指数

位置上看,羊草草原氨氧化细菌编号为 14—21 的主要条带在 DGGE 图谱中位于聚丙烯酰胺凝胶的高变性梯度。条带 2、7 和 20 为所有利用方式的共有条带,条带 11 和 16 为放牧样地所特有,条带 12 为刈割样地所特有。表明不同的利用方式羊草草原氨氧化细菌的群落结构不同。

2.4 氨氧化细菌的测序结果及系统发育分析

将选取的 21 条主要的 DGGE 条带回收测序所得到的 21 个阳性克隆与 Genbank 中氨氧化细菌的序列比对(表 7)并用 Mega 软件进行系统发育分析发现(图 3)羊草草原土壤氨氧化细菌分别隶属于 β -变形菌纲(β -Proteobacteria)的亚硝化螺旋菌属(*Nitrosospira*)和亚硝化单胞菌属(*Nitrosomonas*),分别占氨氧化细菌总数的 72.4% 和 28.6%。刈割、围封和放牧样地分别有 12、11 和 19 个优势条带,其中亚硝化螺旋菌属分别占 50.0%、72.7% 和 68.4%,亚硝化单胞菌属的 6 个阳性克隆在刈割与放牧样地中均存在,而围封样地中仅有其中的 3 个(条带 2、7 和 20),本研究中未发现与亚硝化单胞菌属 Cluster 7 相似性较高的克隆,Cluster 4 和 6 为各个样地中的优势类群,刈割、围封和放牧样地中 Cluster 4 分别占氨氧化细菌总数的 25.0%、27.2% 和 26.3%;Cluster 6 分别占氨氧化细菌总数的 33.3%、18.1% 和 21.1%。表明羊草草原土壤氨氧化细菌群落结构组成因利用方式不同而改变。

表 7 羊草草原不同利用方式下氨氧化细菌的 DGGE 条带比对结果及分布

Table 7 Results of a BLAST analysis on the sequences of the DGGE excised and sequenced bands and distribution of ammonia-oxidizing bacteria in *L. chinensis* steppe taken under different land use patterns

序号 Order	刈割 Mowing	围封 Fencing	放牧 Grazing	相似度 Similarity/%	比对菌及 GenBank 登录号 Closest relatives &GenBank accession No.
1	√		√	100	FN562082.1 <i>Nitrosospira</i> sp.
2	√	√	√	99	GU552208.1 β -proteobacterium clone
3	√		√	100	AY186208.1 Uncultured bacterium clone
4	√		√	100	GQ867209.1 β -proteobacterium clone
5	√		√	96	FJ240205.1 β -proteobacterium
6		√	√	99	GU473045.1 <i>Nitrosospira</i> sp. clone
7	√	√	√	97	HM125284.1 Uncultured bacterium clone
8		√	√	100	FN562078.1 <i>Nitrosospira</i> sp.
9		√	√	100	GU001873.1 <i>Nitrosospira</i> sp.
10		√		98	FJ446563.1 <i>Nitrosospira</i> sp.
11			√	100	GU472980.1 <i>Nitrosospira</i> sp.
12	√			99	GU472965.1 Ammonia-oxidizing bacterium
13	√		√	99	EU520380.1 Uncultured bacterium clone
14	√		√	99	GQ457051.1 Uncultured bacterium clone
15	√		√	99	GU906422.1 Uncultured bacterium clone
16			√	99	FJ792853.1 <i>Nitrosospira</i> sp.
17		√	√	100	AB070984.1 <i>Nitrosospira multiformis</i>
18		√	√	100	FJ446558.1 <i>Nitrosospira</i> sp.
19		√	√	99	HM134871.1 <i>Nitrosospira</i> sp. clone
20	√	√	√	97	FJ240211.1 β -proteobacterium
21	√	√	√	100	EF651594.1 <i>Nitrosospira</i> sp. clone

表中“√”表示该样地中检测到该菌

2.5 不同利用方式下氨氧化细菌与土壤理化因子的典范对应分析

不同利用方式下羊草草原土壤理化因子如表 1 所示,将氨氧化细菌 DGGE 图谱的数字化结果与土壤理化指标相结合进行典范对应分析(CCA)(表 8),第一排序轴解释了样本中 30.5% 的变异,第二排序轴解释了样本中 26.9% 的变异,前 4 个排序轴合并解释了样本中 79.5% 的变异。4 个排序轴的种-环境相关系数均在 0.95 以上,说明氨氧化细菌与土壤理化因子之间存在很强的关联。同时,前 4 个排序轴的种-环境累积百分比

变化率高达 85.4%。

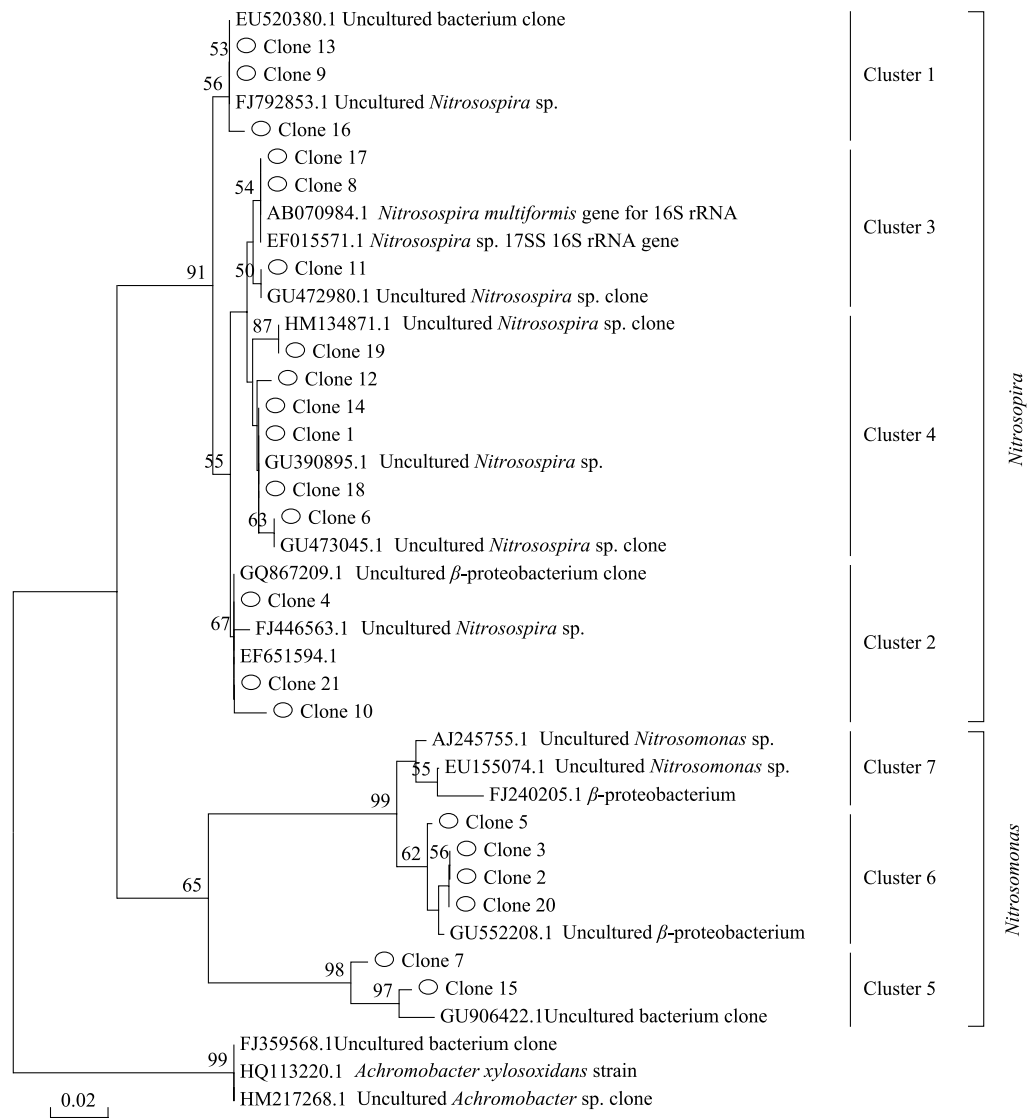


图 3 羊草草原不同利用方式土壤氨氧化细菌系统发育树(邻接法)

Fig. 3 Neighbour-joining tree depicting the phylogenetic relationships among the ammonia-oxidizing bacteria in *L. chinensis* steppe under different land use patterns

表 8 典范对应性分析结果

Table 8 Summary of the results of Canonical Correspondence analysis

项目 Items	第一轴 Axes1	第二轴 Axes2	第三轴 Axes3	第四轴 Axes4
特征值 Eigenvalues	0.389	0.344	0.160	0.123
种-环境相关系数 Species-environment correlations	0.983	1.000	0.991	0.959
种累积百分比变化率/% Cumulative percentage variance of species data	30.5	57.4	69.9	79.5
种-环境累积百分比变化率/% Cumulative percentage variance of species-environment relation	32.8	61.7	75.1	85.4

本研究以总有机碳(TOC)、全氮(TN)、铵态氮(NH-N)、全磷(TP)、速效磷(AP)、pH 值和脲酶(Urease)共 7 项理化指标来表征各个样本的土质情况(图 4)。其中,NH-N 是氨氧化细菌群落变化的最主要影响因子,

其次是 TOC。第一轴基本上反映了氨氧化细菌群落变化在 NH-N 梯度上的变化趋势, NH-N 与第一轴的相关系数为 0.7603, 经蒙特卡洛检验 (Monte Carlo permutation test) 发现 NH-N ($P: 0.0460$) 与氨氧化细菌群落表现出显著地相关性, 具有 95% 以上的置信度; 第二轴基本上表现出氨氧化细菌群落在总有机碳梯度上的变化趋势, 总有机碳与第二轴的相关系数为 -0.5234。

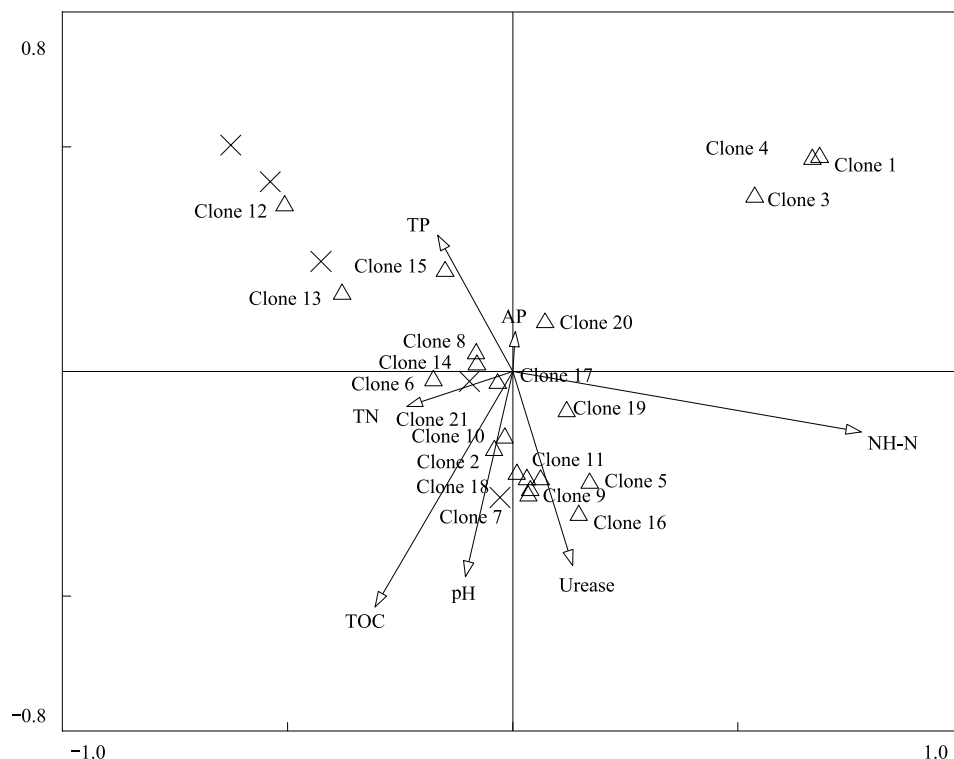


图4 典范对应性分析图

Fig. 4 CCA biplots of the DGGE banding patterns and environmental variables

△: 已测序 DGGE 条带; ×: 未测序 DGGE 条带

3 讨论与结论

基于 16S rDNA 基因序列同源性的系统发育分析表明, 环境中的好氧氨氧化菌主要属于 β -和 γ -*Proteobacteria* 两个亚纲^[15], 其中 γ -*Proteobacteria* 适合在海洋环境生长, β -*Proteobacteria* 可以分为两个类群即 *Nitrosomonas* (含 *Nitrosococcus mobilis*) 和 *Nitrospira* (含 *Nitrosolobus* 和 *Nitrosovibrio*) 两个属。Kowalchuk^[16] 等和 Stephen^[17] 等用传统方法最容易的分离得到、研究的最多的是亚硝化单孢菌属的细菌, 但是钟文辉^[6] 等基于 16S rDNA 研究种植水稻和长期施用无机肥对红壤氨氧化细菌多样性和硝化作用的影响表明数量最多、分布最广的氨氧化细菌是亚硝化螺旋菌属和亚硝化单孢菌属, 且亚硝化螺旋菌属占大多数。这与本文研究结果一致, 在研究中亚硝化螺旋菌属占氨氧化细菌总数的 72.4%。Cluster 4 和 Cluster 6 在各个样地中均为优势类群但所占比例不同, 表明不同利用方式在不同程度上改变了氨氧化细菌的群落结构, 氨氧化细菌的多样性指数与土壤理化因子逐步回归分析的结果表明影响多样性指数的关键理化因子是土壤硝态氮含量, 放牧样地的硝态氮含量显著高于其他两种利用方式, 由此得出放牧样地硝态氮含量高是土壤氨氧化细菌多样性显著高于其他两种利用方式的原因之一。

土壤酶是土壤退化的“传感器”, 是表征土壤中物质、能量代谢旺盛程度和土壤质量水平的一个重要生物指标^[18-20]。脲酶是能水解含氮有机物的酶, 且酶促作用是极为专一的: 它仅能水解尿素, 最终产物是氨和碳酸, 其中氨是植物氮素营养的直接来源^[21]。3 种利用方式中, 放牧样地的脲酶活性最高, 刈割与围封样地之间未表现出显著差异, 放牧样地的硝化率显著高于刈割和围封样地, 相关分析的结果表明, 土壤脲酶活性与土

壤硝态氮和全磷含量表现出极显著的相关性,与土壤速效磷含量表现出显著的相关性,而土壤硝化率仅与土壤硝态氮含量表现出显著相关性。已有一些文献报道了向土壤中施加氮肥有利于硝化作用的进行^[6,22-23]。而放牧对草原生态系统的影响主要体现在两个方面:一方面由于大型有蹄类动物的踩踏和选择性取食导致土壤板结和植物群落类型转变^[24],另一方面会由于动物排泄物造成土壤外来微生物的增加和土壤养分的改变。已有研究表明^[25-26],降低根的生长量是植物对放牧的响应之一,因而使得土壤 C 和 C/N 比率降低,而放牧地的植物残体和土壤较低的 C/N 比率,使微生物的矿化作用加强,固定作用减弱,进而增加了土壤氮的净矿化量^[25,27-29]。这与研究结果一致,放牧样地的速效氮含量显著高于其他两种利用方式。由于放牧干扰增加了脲酶底物尿素的含量从而使得脲酶活性高于其他两种利用方式,同时提高了脲酶催化尿素水解反应产物铵态氮的含量,典范对应分析的结果表明铵态氮的含量与氨氧化细菌群落的分布表现出显著的正相关性,Okano^[30]等在土壤中施用不同浓度的硫酸铵,经培养 28 d 后,应用实时定量 PCR 技术研究发现氨氧化细菌的浓度的有不同程度的增加。说明增加土壤中铵的浓度会直接导致土壤中氨氧化细菌数目的增加。这可能是放牧样地中氨氧化细菌数目较多、具有较高的多样性且硝化率较高的原因之一。

本研究以内蒙古呼伦贝尔市陈巴尔虎旗境内羊草草原土壤氨氧化细菌为研究对象,对土壤氨氧化细菌群落进行了 PCR-DGGE 和扩增产物序列分析,并测定其土壤脲酶活性和硝化率。结果表明,长期不同利用方式将会改变羊草草原土壤氨氧化细菌的多样性及群落结构,放牧干扰下土壤铵态氮含量增加,硝化率高于其他两种利用方式,氨氧化细菌具有较高的多样性,

在以往的研究^[31]中发现硝态氮含量与全磷和速效磷含量也表现出显著的相关性,而土壤硝态氮含量正是显著影响氨氧化细菌多样性指数的土壤理化因子,支持 Marschner^[32]等的观点,草原生态系统的微生物群落结构并不是受控于其中一个环境因素而是由几个相互联系的环境因子所控制。另外,本研究中还发现脲酶活性与全磷养分和速效磷养分含量显著相关,为探索生态系统 N 素循环和 P 素循环的机制以及两者之间的联系提出了新的问题,是否两种元素循环之间存在偶联,如果存在如何相互作用,还是哪些关键的中间产物或者酶起到限制或促进作用,有待深入研究。

References:

- [1] Yu J, Yang M, Qi R, Zhou J, Zhang Y, Liu R Y. Community structures of ammonia-oxidizing bacteria in different municipal wastewater treatment systems. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2009, 29(3): 521-526.
- [2] Kowalchuk G A, Stephen J R. Ammonia-oxidizing bacteria: a model for molecular microbial ecology. *Annual Reviews Microbiology*, 2001, 55: 485-529.
- [3] Kowalchuk G A, Stephen J R, Boer W D, Prosser J I, Embley T M, Woldendorp J W. Analysis of ammonia-oxidizing bacteria of the β -subdivision of the class *Proteobacteria* in coastal sand dunes by denaturing gradient gel electrophoresis and sequencing of PCR-amplified 16S ribosomal DNA fragments. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, 63(4): 1489-1497.
- [4] Coci M, Riechmann D, Bodelier P L E, Stefani S, Zwart G, Laanbroek H J. Effect of salinity on temporal and spatial dynamics of ammonia-oxidizing bacteria from intertidal freshwater sediment. *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology*, 2005, 53(3): 359-368.
- [5] Xiao H F, Li D M, Chen X Y, Liu M Q, Zheng J W, Jiao J G, Hu F, Li H X. Effects of bacterial-feeding nematodes on the amount of ammonia oxidizing bacteria colony in soils using Card-FISH. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(20): 5413-5421.
- [6] Zhong W H, Cai Z C, Yin L C, Zhang H. Effects of rice cultivation and long-term application of inorganic fertilizers on ammonium oxidizers diversity and nitrification of red soils. *Acta Pedologica Sinica*, 2008, 45(1): 105-111.
- [7] Wendu R L, Li G, Yang D L, Zhang J N, Yi J. Diversity and community structure of soil ammonia-oxidizing bacterium in Hulunbeier Grassland, Inner Mongolia. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2011, 22(4): 929-935.
- [8] Guan S Y. *Soil Enzyme and Research Methods*. Beijing: Agriculture Press, 1986: 296-339.
- [9] Wu J G, Chang W, Ai L, Chang X X. The soil nitrogen mineralization under four typical ecosystem in Qilian Mountains. *Ecology and Environment*, 2007, 16(3): 1000-1006.
- [10] Bao S D. *Soil and Agriculture Chemistry Analysis*. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2008: 39-89.
- [11] Muyzer D, 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.
- [12] van Hanne E J, Zwart G, van Agterveld M P, Gons H J, Ebert J, Laanbroek H J. Changes in bacterial and eukaryotic community structure after mass lysis of filamentous cyanobacteria associated with viruses. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65(2): 795-801.

- [13] Sardans J, Peñuelas J. Drought decreases soil enzyme activity in a Mediterranean *Quercus ilex* L. forest. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(3): 455-461.
- [14] Sukul P. Enzymatic activities and microbial biomass in soil as influenced by metalaxyl residues. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(2): 320-326.
- [15] Hao Y J, Wu S W, Wu W X, Chen Y X. Research progress on the microbial ecology of aerobic ammonia-oxidizing bacteria. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(3): 1573-1782.
- [16] Kowalchuk G A, Stienstra A W, Heilig G H J, Stephen J R, Woldendorp J W. Molecular analysis of ammonia-oxidizing bacteria in soil of successional grasslands of the Drentsche A (The Netherlands). *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology*, 2000, 31(3): 207-215.
- [17] Stephen J R, McCaig A E, Smith Z, Prosser J I, Embley T M. Molecular diversity of soil and marine 16S rRNA gene sequences related to β -subgroup ammonia-oxidizing bacteria. *Applied Environmental Microbiology*, 1996, 62(11): 4147-4154.
- [18] Wick B, Kühne R F, Vlek P L G. Soil microbiological parameters as indicators of soil quality under improved fallow management systems in south-western Nigeria. *Plant and Soil*, 1998, 202(1): 97-107.
- [19] Aon M A, Colaneri A C. II. Temporal and spatial evolution of enzymatic activities and physico-chemical properties in an agricultural soil. *Applied Soil Ecology*, 2001, 18(3): 255-270.
- [20] Baum C, Leinweber P, Schlichting A. Effects of chemical conditions in re-wetted peats on temporal variation in microbial biomass and acid phosphatase activity within the growing season. *Applied Soil Ecology*, 2003, 22(2): 167-174.
- [21] Gao X F, Han G D. Dynamic research on the effect of grassland soil enzyme activities and nutrient under different use intensities. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2011, 25(4): 166-170.
- [22] Nicolaisen M H, Risgaard-Petersen N, Revsbech N P, Reichardt W, Ramsing N B. Nitrification-denitrification dynamics and community structure of ammonia oxidizing bacteria in a high yield irrigated Philippine rice field. *Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology*, 2004, 49(3): 359-369.
- [23] Swensen B, Bakken L R. Nitrification potential and urease activity in a mineral subsoil. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 30(10/11): 1333-1341.
- [24] Anderson V J, Briske D D. Herbivore-induced species replacement in grasslands: is it driven by herbivory tolerance or avoidance? *Ecological Applications*, 1995, 5(4): 1014-1024.
- [25] Holland E A, Parton W J, Detling J K, Coppock D L. Physiological responses of plant populations to herbivory and their consequences for ecosystem nutrient flow. *The American Naturalist*, 1992, 140(4): 685-706.
- [26] Ingham R E, Detling J K. Plant-herbivore interactions in a North American mixed-grass prairie. III. Soil nematode populations and root biomass on *Cynomys ludovicianus* colonies and adjacent uncolonized areas. *Oecologia*, 1984, 63(3): 307-313.
- [27] Detling J K, Holland E A. Plant response to herbivory and below ground nitrogen cycling. *Ecology*, 1990, 71(3): 1040-1049.
- [28] McNamilton S J, Banyikwa F F, McNamilton M M. Promotion of the cycling of diet-enhancing nutrients by African grazers. *Science*, 1997, 278(5344): 1798-1800.
- [29] Gao Y Z, Han X G, Wang S P. The effects of grazing on grassland soils. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24(4): 790-797.
- [30] Okano Y, Hristova K R, Leutenegger C M, Jackson L E, Denison R F, Gebreyesus B, Lebauer D, Scow K M. Application of real-time PCR to study effects of ammonium on population size of ammonia-oxidizing bacteria in soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, 70(2): 1008-1016.
- [31] Zou Y K, Zhang J N, Yang D L, Chen X R, Zhao J N, Xiu W M, Lai X, Li G. Effects of different land use patterns on *nifH* genetic diversity of soil nitrogen-fixing microbial communities in *Leymus Chinensis* steppe. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, 31(3): 150-156.
- [32] Marschner P, Yang C H, Lieberei R, Crowley D E. Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(11): 1437-1445.

参考文献:

- [1] 于健, 杨敏, 齐嵘, 周军, 张昱, 刘如钢. 城市污水处理系统中氨氧化细菌种群结构研究. *环境科学学报*, 2009, 29(3): 521-526.
- [5] 肖海峰, 李大明, 陈小云, 刘满强, 郑金伟, 焦加国, 胡锋, 李辉信. CARD-FISH 研究食细菌线虫对氨氧化细菌 (AOB) 数量的影响. *生态学报*, 2010, 30(20): 5413-5421.
- [6] 钟文辉, 蔡祖聪, 尹力初, 张鹤. 种植水稻和长期施用无机肥对红壤氨氧化细菌多样性和硝化作用的影响. *土壤学报*, 2008, 45(1): 105-111.
- [7] 文都日乐, 李刚, 杨殿林, 张静妮, 易津. 内蒙古呼伦贝尔草原土壤氨氧化细菌多样性及群落结构. *应用生态学报*, 2011, 22(4): 929-935.
- [8] 关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京: 农业出版社, 1986: 296-339.
- [9] 吴建国, 裴伟, 艾丽, 常学向. 祁连山中部四种典型生态系统土壤氮矿化的研究. *生态环境*, 2007, 16(3): 1000-1006.
- [10] 鲍士旦. 土壤农化分析 (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2008: 39-89.
- [15] 郝永俊, 吴松维, 吴伟祥, 陈英旭. 好氧氨氧化菌的种群生态学研究进展. *生态学报*, 2007, 27(4): 1573-1582.
- [21] 高雪峰, 韩国栋. 利用强度对草原土壤酶活性和养分影响的动态研究. *干旱区资源与环境*, 2011, 25(4): 166-170.
- [29] 高英志, 韩兴国, 汪诗平. 放牧对草原土壤的影响. *生态学报*, 2004, 24(4): 790-797.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 32, No. 10 May, 2012 (Semimonthly)

CONTENTS

Landscape aesthetic assessment based on experiential paradigm assessment technology	LI Xuanqi, HUA Lizhong (2965)
Significant impact of job-housing distance on carbon emissions from transport: a scenario analysis	TONG Kangkang, MA Keming (2975)
The watershed eco-compensation system from the perspective of economics: the cases of pollution compensation	LIU Tao, WU Gang, FU Xiao (2985)
The tourism development impact on Shanghai coastal wetland vegetation	LIU Shidong, GAO Jun (2992)
Effects of the Wenchuan Earthquake on shoot growth and development of the umbrella bamboo (<i>Fargesia robusta</i>), one of the giant panda's staple bamboos	LIAO Lihuan, XU Yu, RAN Jianghong, et al (3001)
Forest carbon sequestration and carbon sink/source in Jiangxi Province	HUANG Lin, SHAO Quanqin, LIU Jiyuan (3010)
Species diversity of herbaceous communities in the Yiluo River Basin	CHEN Jie, GUO Yili, LU Xunling, et al (3021)
Microbial community diversity of rhizosphere soil in continuous cotton cropping system in Xinjiang	GU Meiying, XU Wanli, MAO Jun, et al (3031)
Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizosphere of <i>Caragana korshinskii</i> Kom. in desert zone	HE Xueli, CHEN Zheng, GUO Huijuan, et al (3041)
Characteristics of photosynthetic productivity and water-consumption for transpiration in <i>Pinus densiflora</i> var. <i>zhangwuensis</i> and <i>Pinus sylvestris</i> var. <i>mongolica</i>	MENG Peng, LI Yuling, YOU Guochun, et al (3050)
Seasonal dynamic and influencing factors of coarse woody debris respiration in mid-subtropical evergreen broad-leaved forest	LIU Qiang, YANG Zhijie, HE Xudong, et al (3061)
Influence of saline soil and sandy soil on growth and mineral constituents of common annual halophytes in Xinjiang	ZHANG Ke, TIAN Changyan, LI Chunjian (3069)
Dynamics change of <i>Betula ermanii</i> population related to shrub and grass on treeline of northern slope of Changbai Mountains	WANG Xiaodong, LIU Huiqing (3077)
Effects of ecological conditions on morphological and physiological characters of tobacco	YAN Kan, CHEN Zongyu (3087)
A study on the hyperspectral inversion for estimating leaf chlorophyll content of clover based on factor analysis	XIAO Yanfang, GONG Huili, ZHOU Demin (3098)
Monthly dynamic variation of soil seed bank in water-level-fluctuating zone of Three Gorges Reservoir at the beginning after charging water	WANG Xiaorong, CHENG Ruimei, TANG Wanpeng, et al (3107)
Effects of three land use patterns on diversity and community structure of soil ammonia-oxidizing bacteria in <i>Leymus chinensis</i> steppe	ZOU Yukun, ZHANG Jingni, CHEN Xiurong, et al (3118)
Autotoxicity and promoting: dual effects of root litter on American ginseng growth	JIAO Xiaolin, DU Jing, GAO Weiwei (3128)
Effect of differing levels parasitism from native <i>Cuscuta australis</i> on invasive <i>Bidens pilosa</i> growth	ZHANG Jing, YAN Ming, LI Junmin (3136)
Heavy metal concentrations and pollution assessment of riparian soils in Shandong Province	ZHANG Ju, CHEN Shiyue, DENG Huanguang, et al (3144)
Effect of decomposition products of cyanobacteria on <i>Myriophyllum spicatum</i> and water quality in Lake Taihu, China	LIU Lizhen, QIN Boqiang, ZHU Guangwei, et al (3154)
Succession of macrofauna communities in wetlands of <i>Sonneratia apetala</i> artificial mangroves during different ecological restoration stages	TANG Yijie, FANG Zhanqiang, ZHONG Yanting, et al (3160)
Group characteristics of Chinese Merganser (<i>Mergus squamatus</i>) during the wintering period in Poyang Lake watershed, Jiangxi Province	SHAO Mingqin, ZENG Binbin, SHANG Xiaolong, et al (3170)
Effect of forest rodents on predation and dispersal of <i>Pinus armandii</i> seeds in Qinling Mountains	CHANG Gang, WANG Kaifeng, WANG Zhi (3177)
Circadian rhythms of activity, metabolic rate and body temperature in desert hamsters (<i>Phodopus roborovskii</i>)	WANG Luping, ZHOU Shun, SUN Guoqiang (3182)
Effects of temperature stress and ultraviolet radiation stress on antioxidant systems of <i>Locusta migratoria tibetensis</i> Chen	LI Qing, WU Lei, YANG Gang, et al (3189)
Carbon cycling from rice-duck mutual ecosystem during double cropping rice growth season	ZHANG Fan, GAO Wangsheng, SUI Peng, et al (3198)
Protein expression characteristics and their response to nitrogen application during grain-filling stage of rice (<i>Oryza Sativa</i> L.)	ZHANG Zhixing, CHENG Jun, LI Zhong, et al (3209)
Review and Monograph	
Advances in influence of seawater eutrophication on marine bacteria	ZHANG Yubin, ZHANG Jiexiang, SUN Xingli (3225)
A review of comprehensive effect of ocean acidification on marine fishes	LIU Hongjun, ZHANG Zhendong, GUAN Shuguang, et al (3233)
Evaluation of the controlling methods and strategies for <i>Mikania micrantha</i> H. B. K.	LI Mingguang, LU Erbei, GUO Qiang, et al (3240)
Scientific Note	
Dynamics of land use/cover changes in the Weigan and Kuqa rivers delta oasis based on Remote Sensing	SUN Qian, TASHPOLAT. Tiyp, ZHANG Fei, et al (3252)
Phytoplankton assemblages in East China Sea in winter 2009	GUO Shujin, SUN Jun, DAI Minhan, et al (3266)
On the physical chemical and soil microbial properties of soils in the habitat of wild Ferula in Xinjiang	FU Yong, ZHUANG Li, WANG Zhongke, et al (3279)
The community characteristics of <i>Calligonum roborovskii</i> A. Los in Tarim Basin	Gulnur Sabirhazi, PAN Borong, DAUN Shimin (3288)
Stability analysis of mine ecological industrial symbiotic system	SUN Bo, WANG Guangcheng (3296)

《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 10 期 (2012 年 5 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 32 No. 10 (May, 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:100071	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