

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

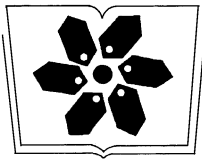
Acta Ecologica Sinica



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/stxb201104170503

顾美英, 徐万里, 茆军, 张志东, 唐光木, 葛春辉. 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. 生态学报, 2012, 32(10): 3031-3040.

Gu M Y, Xu W L, Mao J, Zhang Z D, Tang G M, Ge C H. Microbial community diversity of rhizosphere soil in continuous cotton cropping system in Xinjiang. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(10): 3031-3040.

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¹, 徐万里^{2,*}, 茆 军¹, 张志东¹, 唐光木², 葛春辉²

(1. 新疆农业科学院微生物应用研究所, 乌鲁木齐 830091; 2. 新疆农业科学院土壤肥料与农业节水研究所, 乌鲁木齐 830091)

摘要:以南北疆不同连作年限棉花根际土壤为研究对象, 采用 Biolog 技术, 并结合传统平板培养法和土壤酶的测定, 研究连作对棉花根际土壤微生物群落多样性的影响。Biolog 分析结果表明, 不同连作年限棉花根际土壤微生物碳源利用和功能多样性差异显著。荒地土壤微生物活性较低; 在连作年限较短时(5—10a), 根际土壤微生物群落的平均颜色变化率(AWCD)和 Shannon 指数较高; 长期连作(15—20a), 则呈明显下降趋势。主成分分析表明, 不同连作年限的棉花根际土壤微生物碳源利用特征有明显不同。第一、二组开垦与未开垦土壤分别在 PC1 和 PC2 上出现差异, 未开垦土壤得分均为负值, 开垦土壤均为正值; 而正茬与连作多年的棉花土壤在 PC1 上差异显著。其中在 PC1 上起分异作用的碳源主要是羧酸类和聚合物类, 这两类碳源可能是影响连作棉花根际土壤微生物的主要碳源。可培养微生物数量的测定结果表明, 荒地细菌数量最少; 在连作年限较低时(5—10a 左右), 细菌数量呈上升趋势; 而长期连作(>15a)后, 细菌数量呈现下降趋势。真菌数量在连作多年后(10—15a)也开始增加。放线菌变化趋势不明显。四种土壤酶活性在连作的初中期(5—15a), 连作障碍表现明显, 土壤酶活性呈下降(过氧化氢酶和磷酸酶)或先升高后下降(脲酶和蔗糖酶)趋势, 但随着连作年限的延长(15—20a), 这 4 种土壤酶活性均表现出增高趋势。综上所述, 棉花长期连作使棉花根际土壤微生物群落多样性降低, 发生连作障碍, 进而导致棉花产量降低。

关键词:棉花连作; 微生物群落; 功能多样性; 土壤酶

Microbial community diversity of rhizosphere soil in continuous cotton cropping system in Xinjiang

GU Meiyong¹, XU Wanli^{2,*}, MAO Jun¹, ZHANG Zhidong¹, TANG Guangmu², GE Chunhui²

¹ Institute of Microbiology, Urumqi 830091, China

² Institute of Soil and Fertilizer & Agricultural Water Saving; Xinjiang Academy of Agricultural Science, Urumqi 830091, China

Abstract: This study investigated effect of various durations of cotton cropping on microbial community diversity of rhizosphere soil in south and north parts of Xinjiang by Biolog method, cultured-based microorganism and soil enzyme measurements. Biolog analysis showed that there were significant differences in microbial carbon utilization and functional diversities of microbial community of rhizosphere soils under various durations of cotton cropping. Soil microbial activity of uncultivated soils were lower than that of cultivated soils. The AWCD of rhizosphere microbial community and Shannon(*H*) index were higher under 5—10 years than under 15—20 years of continuous cotton cropping. The principal component analysis showed that there was significant differences in carbon utilizations of soil microbial community. The significant differences existed on PC1 and PC2, respectively, between cultivated and uncultivated soils in group one and group two,

基金项目:国家“十一五”科技支撑课题(2009BADA4B03); 新疆农业科学院青年创新基金(2007Q11)

收稿日期:2011-04-17; **修订日期:**2011-11-15

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wlxu2005@163.com

and the coefficients of uncultivated soils were negative, those of cultivated soils were positive. However significantly differences in PC1 were found between soils under rotation system and continuous cotton cropping. The differences of carbon sources in PC1 were mostly caused by carboxylic acid and polymers, which were probably the main carbon sources affecting soil microbial community under continuous cotton cropping. The results of count of soil culturable microorganism showed that numbers of bacteria in the uncultivated soils were less than that in the cultivated soils. Nevertheless, numbers of bacteria were larger under 5—10 years than under 15—20 years of continuous cotton cropping. The numbers of fungi increased after 15—20 years continuous cotton cropping. However, numbers of Actinomyces did not change obviously between cultivated and non-cultivated soils. Soil enzyme activities were decreased significantly after 5—15 years of continuous cotton cropping, then, increased after 15—20 years of continuous cotton cropping. It is concluded that soil microbial community diversities were decreased in rhizosphere soils under long-term continuous cotton cropping, and this might be the main cause of yield decrease of cotton in Xinjiang.

Key Words: continuous cotton cropping; soil microbial community; functional diversity; soil enzyme activity

农业生产中连作现象非常普遍,可导致土壤质量下降、作物减产以及病虫害加剧等连作障碍的发生,国内外研究表明,连作障碍是由多种因素作用的结果,其本质是土壤根际微生态系统失调或恶化^[1-4]。微生物作为土壤生态系统的重要组成部分,其群落结构和生态功能多样性已成为研究连作障碍及土壤健康的重要生物指标^[5-9]。

传统的土壤微生物多样性研究多采用平板培养法,随着科技发展,一些新技术(如分子生物学方法、Biolog 碳源利用、磷脂脂肪酸测定)的应用已成为探索连作障碍的重要手段^[10-13]。采用 Biolog 技术分析连作对土壤微生物生态功能的影响,近几年来也受到人们的关注。目前多数研究结果表明连续种植单一作物的耕地其土壤微生物功能多样性显著低于轮作耕地^[10];且不同连作年限的土体和根际微生物群落功能存在差异^[13-14];长年连作会使土壤由“细菌型”向“真菌型”转变^[15]。

新疆是中国最适宜和最优质的商品棉生产基地,主要植棉区棉花面积占作物播种面积的 60%—70%,个别地区甚至高达 80% 以上^[16],连作现象非常普遍。虽然棉花属耐连作作物,但是随着连作年限的延长,出现死苗、生长不良、“早衰”、棉花枯、黄萎病发病严重等现象^[17],并导致棉花产量大幅度下降。根据国家长远规划,新疆棉花作为区域支柱产业地位不会改变,而且会进一步加强^[18],因此探明棉花连作障碍发生的原因,对消除棉花连作障碍,保证新疆棉花健康发展具有重要意义。目前从微生物方面来揭示棉花连作障碍现象多集中于传统的平板培养和土壤酶等方面^[19-22],从微生物碳源代谢角度来系统研究棉花连作障碍还未见报道。

本研究以采自新疆不同连作年限绿洲棉田土壤为研究对象,分析了不同连作年限根际土壤微生物碳源利用情况,并结合土壤可培养微生物数量和土壤酶的测定,探索棉花连作障碍发生的微生物学机制,为采用土壤生态调控技术解决棉花连作障碍提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 采集地基本情况

依据棉花的种植区域和种植年限,于 2007 年 8 月采集相邻的、土质相同的、不同连作年限的 0—30 cm 棉花根际土壤。其中 0 年为周边相同母质的未开垦自然土壤,第二组的 1 年为开垦 2a,头年种植西瓜,第 2 年种植棉花的土壤,第三组的 1 年为当年新开地。采样点的基本情况见表 1。

1.2 土样的采集及测定方法

1.2.1 土样的采集

按 5 点法随机选取 0—30cm 土层的棉花根系土壤,轻轻抖落下棉花根表面的土壤作为根际土壤样品^[23]。将土壤样品分成两份,一份鲜样混合均匀后于 4℃ 保存,进行微生物数量、微生物碳和 Biolog 微生物多样性测定。另一份风干过筛后用于测定土壤的理化性质和土壤酶。

表 1 连作棉田土壤基本情况							
Table 1 Soil basic properties for Continuous cropping cotton field							
连作棉田 Cropping cotton field		连作年限 Continuous cropping years	地理位置 Geographical location	土壤类型 Soil type	经纬度 Latitude and longitude	耕作方式、种植制度 及病害情况 Tillage, cropping and diseases	当年产量 Yield /(kg/hm ²)
北疆棉区	第一组 No. 1	0	玛纳斯县	灌耕	N44°29'	—	—
		6	兰州湾镇	灰漠土	E86°06'	秋翻冬灌, 秸秆还田,	3332.7
		15	大湾子村			地面灌溉, 连作 20a	2822.4
		20				出现枯、黄萎病病害	2406.6
	第二组 No. 2	0	121 团炮台	灌耕	N44°47'	—	—
		1	实验站	灰漠土	E85°32'	冬翻, 无茬灌, 无秋	2063.1
		6				灌, 干翻湿出, 秸秆	1959.6
		9				还田, 滴灌, 连作 9a	4126.2
						病害少, 其余无病害	
南疆棉区	第三组 No. 3	1	农二师	潮土	N40°46'	深耕, 秸秆还田, 滴灌,	6783.0
		5	三十三团		E87°13'	连作 20a 的地部分有	6481.5
		10				枯、黄萎病病害	7281.0
		15					6483.0
		20					4468.5

1.2.2 土壤基本理化性质的测定^[24]。

pH 值测定采用电位法, 总盐测定采用质量法, 有机质测定采用水合热重铬酸钾氧化-比色法, 微生物量碳测定采用氯仿熏蒸浸提法, 全氮测定采用半微量开氏法。测定结果见表 2。

表 2 连作棉田土壤基本理化性质							
Table 2 Soil basic physical and chemical characteristics for continuous cropping cotton field							
连作棉田 Cropping cotton field		连作年限 Continuous cropping years	pH	总盐 Total salt /%	有机质 OM /%	微生物量碳 Microbial biomass C /(mg/kg)	全氮 Total N /(g/kg)
北疆棉区	第一组 (No. 1)	0	8.54±0.03aA	2.75±0.07aA	0.64±0.01cB	1.78±0.14bB	0.38±0.06cB
		6	7.88±0.02dD	0.40±0.01bB	1.14±0.03abA	2.64±0.22abAB	0.48±0.03bB
		15	8.08±0.02bB	0.18±0.05cC	1.25±0.02aA	3.46±0.02aA	0.68±0.06aA
		20	8.02±0.01cC	0.13±0.08cC	1.03±0.03bA	2.63±0.49abAB	0.75±0.00aA
	第二组 (No. 2)	0	7.91±0.01cC	0.62±0.19abA	0.37±0.02bB	3.12±0.71cC	0.20±0.00bB
		1	8.13±0.02aA	0.35±0.21bA	0.45±0.11bAB	16.21±0.48bB	0.25±0.05bAB
		6	8.09±0.01bB	0.71±0.19aA	0.53±0.02bAB	16.78±0.27bB	0.23±0.06bAB
		9	7.85±0.00dD	0.45±0.06abA	0.71±0.04aA	31.99±0.65aA	0.33±0.03aA
南疆棉区	第三组 (No. 3)	1	7.77±0.01cC	0.37±0.03bBC	1.18±0.02aA	55.10±0.92aA	0.36±0.05bcBC
		5	7.79±0.03cBC	0.52±0.06bAB	0.80±0.03dC	9.04±0.29cC	0.29±0.03cC
		10	8.02±0.03aA	0.16±0.02cC	0.96±0.03bB	15.75±0.78bB	0.41±0.00bB
		15	7.65±0.04dD	0.73±0.03aA	0.88±0.01cBC	2.34±0.40dD	0.32±0.03cBC
		20	7.87±0.05bB	0.45±0.18bB	0.51±0.04eD	2.11±0.25dD	0.60±0.06aA

每组同列的不同字母表示差异显著性水平;小写字母为 5% 差异显著水平;大写字母为 1% 差异显著水平

1.2.3 土壤微生物群落碳源代谢利用测定

采用 Biolog Eco 微平板法进行^[25]。称取 10 g 鲜土加入 100 mL 灭菌的生理盐水(0.85%)中, 摇匀, 静止片刻, 然后将土壤样品稀释至 10⁻³。取 150 μL 菌悬液接种到生态板的每一个孔中, 25 ℃ 恒温培养, 每隔 24 h 分别在 590 nm 波长下读数, 连续培养 7d。取 96 h 的平均光密度值进行主成分分析。

1.2.4 土壤可培养微生物数量测定

采用稀释平板涂布培养计数法分析^[25]。细菌采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基,放线菌采用改良的高氏一号培养基(每 300mL 培养基中加 3% 重铬酸钾 1mL),真菌采用 PDA 培养基(每 100mL 培养基加 1% 链霉素溶液 0.3mL)。

1.2.5 土壤酶活性测定

参照关松荫的方法^[26]:过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法,活性以 24h 后 1g 干土重的 0.1 mol/L KMnO_4 毫升数(对照与试验测定之差)表示;脲酶采用苯酚-次氯酸钠比色法,活性以 24h 后 10g 干土中的 $\text{NH}_3\text{-N}$ 的质量(mg)表示;磷酸酶采用磷酸苯二钠法,活性以 24h 后 10g 土壤中酚的毫克数表示;蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法,活性以 24h 后 1g 干土中葡萄糖的质量(μg)表示。

1.2.6 数据处理及统计分析

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

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

式中, C_i 为每个有培养基孔的吸光值, R_i 为对照孔的吸光值, n 为培养基孔数, Biolog Eco 板 n 值为 31。采用 Simpson、Shannon-Wiener 和 McIntosh 三个指数来表征土壤微生物群落功能多样性。其计算公式如下:

$$\text{Simpson 指数}(D) \quad D = 1 - \sum p_i^2$$

$$\text{Shannon-Wiener 指数}(H) \quad H = - \sum p_i (\ln p_i)$$

$$\text{McIntosh 指数}(U) \quad U = \sqrt{\sum n_i^2}$$

式中, p_i 为第 i 孔的相对吸光值与所有整个微平板的相对吸光值总和的比值 $(C_i - R_i) / \sum (C_i - R_i)$; n_i 为第 i 孔的相对吸光值 $(C_i - R_i)$ 。

采用 DPS v9.50 版软件进行平均吸光值(AWCD)、多样性指数、主成分分析(PCA)和相关的方差分析等工作。

2 结果与分析

2.1 棉田连作对土壤微生物群落功能多样性的影响

2.1.1 棉田连作土壤微生物群落代谢平均颜色变化率

微生物群落功能多样性能够反映土壤中微生物的生态功能,采用 Biolog Eco 微平板加入的碳源一般是植物根系分泌物,更能代表根际土壤微生物群落可利用的碳源,与土壤微生物群落的生态功能更具相关性^[27]。平均颜色变化率(AWCD)是判断土壤微生物群落利用碳源能力的重要指标之一,代表土壤微生物的代谢活性^[28]。

3 组土样开始培养后每隔 24h 测定 AWCD 值,得到 AWCD 随时间的动态变化图(图 1—图 3)。随着培养时间的延长,微生物碳源利用总体上呈逐渐增加的趋势。培养起始的 24h 内 AWCD 变化不明显,而在培养 24—120h 内 AWCD 快速增长,此时微生物活性旺盛,120h 后增长缓慢,趋于平稳。第一组土样的 AWCD 值变化图表明,未开垦土壤其 AWCD 值最低,连作 6a 的棉田土壤 AWCD 值相对较高,随后呈下降趋势。第二组土样连作年限未超过 10a,未开垦土壤的 AWCD 值最低,开垦后微生物碳源利用活性逐渐增高,在连作 9a 时

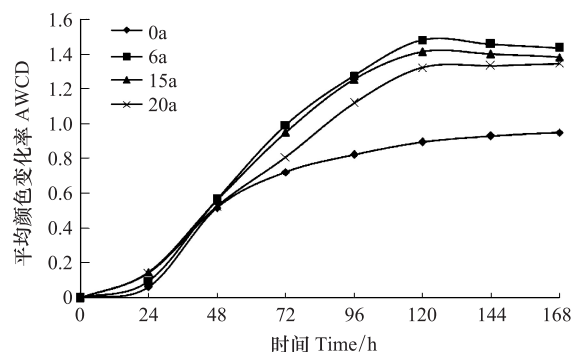


图 1 第一组棉花连作土壤 AWCD 值

Fig. 1 AWCD of No. 1 continuous cropping cotton soil

达到最高。第三组土样中 1a 土样为当年新开地,微生物活性较高,随后呈现逐年递减的趋势。从表 3 选取的 96h 的 AWCD 值可以看出第一、二组开垦与未开垦土壤的碳源利用差异显著,开垦对土壤微生物活性影响较大,总体表现为开垦后土壤的微生物活性高于未开垦土壤。第二、三组正茬棉田与连作多年的棉田土壤碳源利用差异也比较显著,而这 3 组棉田土壤连作多年后(10—15a 以上)碳源利用差异不明显。连作棉田根际土壤微生物活性总体变化趋势表现为,在连作前期(5—10a 左右)较高,而随着连作年限的延长(10—15a 以上),微生物活性开始下降。

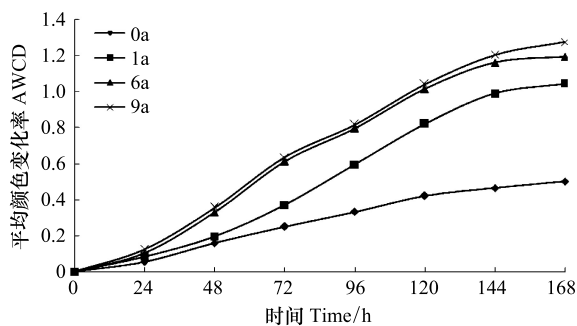


图 2 第二组棉花连作土壤 AWCD 值

Fig. 2 AWCD of No. 2 continuous cropping cotton soil

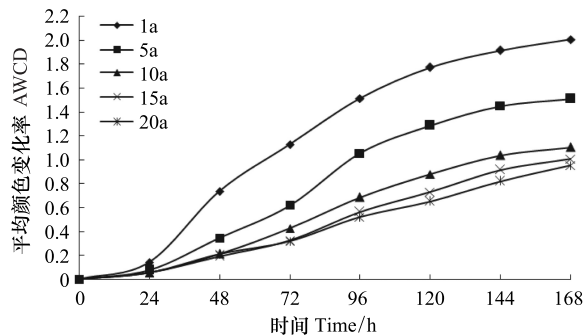


图 3 第三组棉花连作土壤 AWCD 值

Fig. 3 AWCD of No. 3 continuous cropping cotton soil

2.1.2 棉田连作土壤微生物群落代谢多样性指数

根据这 3 组土样的碳源利用情况,综合考虑其变化趋势,选取光密度增加较快的 96h 的 AWCD 值进行土壤微生物群落代谢多样性的分析(表 3)。

表 3 连作棉田土壤微生物群落功能多样性指数

Table 3 Diversity indices of soil microbial communities for continuous cropping cotton field

连作年限 Continuous cropping years		平均颜色变化率 AWCD	Simpson (<i>D</i>)	Shannon-Wiener(<i>H</i>)	McIntosh (<i>U</i>)
第一组(No. 1)	0	0.82±0.01bB	0.98±0.01aA	4.29±0.12dC	0.95±0.06aA
	6	1.28±0.32aA	0.99±0.01aA	4.80±0.01aA	0.96±0.01aA
	15	1.26±0.01aAB	0.98±0.02aA	4.63±0.08bB	0.94±0.03aA
	20	1.12±0.07abAB	0.98±0.03aA	4.59±0.02cB	0.95±0.01aA
第二组(No. 2)	0	0.33±0.13cB	1.00±0.00aA	3.68±0.26dD	1.00±0.01aA
	1	0.60±0.07bA	0.98±0.04bB	4.04±0.08cC	0.95±0.01bB
	6	0.80±0.09aA	0.97±0.02bB	4.19±0.04bB	0.93±0.05bB
	9	0.82±0.07aA	0.98±0.02bB	4.29±0.16aA	0.94±0.02bB
第三组(No. 3)	1	1.51±0.07aA	0.98±0.04aA	4.67±0.12aA	0.93±0.02bC
	5	1.05±0.12bB	0.98±0.02aA	4.21±0.14cC	0.96±0.02aAB
	10	0.69±0.19cC	0.98±0.01aA	4.38±0.01bB	0.93±0.01bBC
	15	0.56±0.16cC	0.99±0.04aA	4.16±0.23dD	0.97±0.01aA
	20	0.52±0.10cC	0.99±0.01aA	4.10±0.01eE	0.96±0.01aA

每组同列的不同字母表示差异显著性水平;小写字母为 5% 显著水平;大写字母为 1% 显著水平

土壤微生物群落功能多样性以 Simpson、Shannon-Wiener 和 McIntosh 三种指数来表征。其中 Simpson 指数 (*D*) 用于评估某些最常见种的优势度; Shannon-Wiener 指数 (*H*) 用于评估物种的丰富度; McIntosh 指数 (*U*) 用于评估群落物种均匀度。第一组土样分析结果表明, Simpson 指数 (*D*) 和 McIntosh 指数 (*U*) 差异不显著, 而 Shannon 指数 (*H*) 差异显著, 呈现先增加后降低的趋势。其中未开垦土壤的 Shannon 指数 (*H*) 最低, 连作 6 年的土样最高。第二组土样在 3 组多样性指数上均存在差异, 其中土壤的开垦对 Simpson 指数 (*D*) 和 McIntosh 指数 (*U*) 是有影响的; 开垦和连作对 Shannon 指数 (*H*) 的影响显著, 由于连作年限较短 (<10a), 微生物丰富度

指数呈上升趋势。第三组土样 Simpson 指数 (D) 差异不显著, 在 Shannon 指数 (H) 和 McIntosh 指数 (U) 上存在差异。土壤微生物多样性指数也呈现新开垦棉田 (连作 1 年) 的 Shannon 指数 (H) 最高, 随着连作年限的延长, 连作 5a 略有下降, 随后上升, 连作 10a 以后逐年下降。可见棉田土壤的开垦和连作对土壤微生物群落的优势度 (Simpson 指数) 影响不大, 而对微生物群落的丰富度 (Shannon 指数) 和均匀度 (McIntosh 指数) 有一定影响。

2.1.3 棉田连作土壤微生物群落代谢功能主成分分析

利用培养 96h 的 AWCD 值, 对不同连作年限棉田土壤微生物利用单一碳源特性进行主成分分析。根据主成分个数提取原则 (对应特征值大于 1 的前 m 个主成分), 提取这 3 组土样主成分的特征根及方差贡献率, 并选取方差贡献率最高的前两个主成分 PC1 和 PC2 来进行微生物群落功能多样性分析^[14]。

分析结果表明, 第一组土样前 3 个主成分因子累计方差贡献率达到 100%, 特征根分别为 17.1、8.3 和 5.57, 方差贡献率依次为 55.17%、26.86% 和 17.97%。提取累积方差贡献率为 82.03% 的前两个主成分 PC1 和 PC2 进行土壤微生物碳源利用功能多样性分析 (图 4)。从图 4 可以看出, 不同连作年限棉田土壤微生物群落碳源利用上差异较大, 其中第一组未开垦土壤与开垦土壤比较在 PC1 上差异较显著, 未开垦土壤的得分值为负值, 而开垦后的土地得分值均为正值, 说明土地开垦对土壤微生物群落有较大影响, 不同连作年限土壤在 PC2 上的差异较显著。

第二组土样前 3 个主成分因子的累计方差贡献率达到 100%, 特征根分别为 14.86、9.2 和 4.93, 方差贡献率依次为 51.26%、31.74% 和 17%。提取累积方差贡献率为 83% 的前两个主成分 PC1 和 PC2 进行土壤微生物碳源利用功能多样性分析 (图 5)。从图 5 可以看出, 未开垦土壤与开垦的土壤比较在 PC2 上差异较显著, 未开垦土壤的得分值为负值, 而开垦后的土地得分值为正值。种植 1 年与连作多年的棉田土壤 (连作 6a 和 9a) 在 PC1 上差异也较明显, 连作 6a 和连作 9a 的土壤在 PC1 和 PC2 上都比较接近。

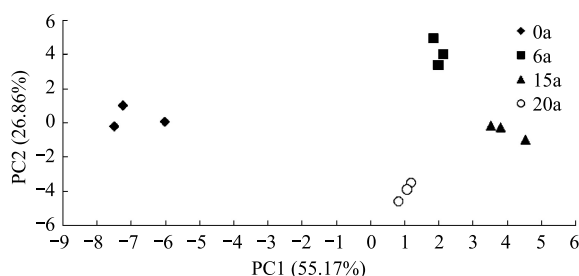


图 4 第一组棉田连作土壤微生物碳源利用主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis on substrate utilization potential of microbial community of No. 1 continuous cropping cotton soil

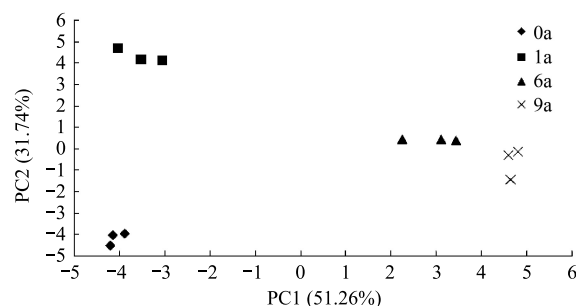


图 5 第二组棉田连作土壤微生物碳源利用主成分分析

Fig. 5 Principal component analysis on substrate utilization potential of microbial community of No. 2 continuous cropping cotton soil

第三组土样前 4 个主成分因子累计方差贡献率达 100%, 特征根分别为 17.76、7.23、3.33 和 2.67, 方差贡献率依次为 57.29%、23.32%、10.76% 和 8.63%。提取累积方差贡献率为 80.61% 的前两个主成分 PC1 和 PC2 进行土壤微生物碳源利用功能多样性分析 (图 6)。从图 6 可以看出, 当年新开地与连作土壤在 PC1 上差异较显著, 当年新开地得分值为正值, 且分值较大, 而连作年限较长的土地得分值为负值。由此可见, 开垦、连作年限和耕作方式对棉田土壤微生物群落碳源代谢均有较大影响。

对 PC1 和 PC2 的得分系数与单一碳源的 AWCD 进行相关性分析, 得出不同碳源在 PC1 和 PC2 上的载荷值^[29] (表 4)。主成分分析中的载荷因子可反映不同土壤碳代谢的差异, 绝对值越大表明该基质对主成分的贡献越大^[30]。分析结果表明, 在 PC1 上 3 组土样均具有较高载荷值的碳源 ($|r| > 0.6$) 包括 D-木糖、D-半乳糖内酯、2-羟基甲酸、D-半乳糖醛酸、D-苹果酸、衣康酸、L-精氨酸、吐温 40、吐温 80、肝糖和葡萄糖-1-磷酸

盐;在 PC2 上没有 3 组土样均具有较高载荷值的碳源。由此可以得出对 PC1 贡献大的主要是羧酸类和聚合物类碳源,因此这 3 组连作棉田微生物主要利用的是羧酸类和聚合物类的碳源,这两类碳源可能是影响连作棉花根际土壤微生物的主要碳源。

2.2 棉田连作对土壤可培养微生物和土壤酶的影响

对这 3 组连作棉田根际土壤细菌、放线菌和真菌数量及过氧化氢酶、磷酸酶、脲酶和蔗糖酶这四种土壤酶活性进行测定。综合这 3 组土样数据结果可以看出(表 5),细菌数量与 AWCD 值的变化趋势大体相同,表现为荒地数量最少,随着土壤的开垦,采用了施肥、灌溉等措施,土壤微生物数量开始增加。细菌数量在连作初期(5—10a)较高,随着连作年限的延长(15a 以后)细菌数量开始趋向减少。真菌数量开垦后均有所增加,除第一组土样呈现递增趋势外,其余两组在连作前期呈减少趋势,但在连作多年后(10—15a 以后)真菌数量也开始增加,说明长期的连作使棉花根际土壤由“细菌性”向“真菌性”转变,连作障碍明显。放线菌数量变化规律 3 组土样趋势均不明显。

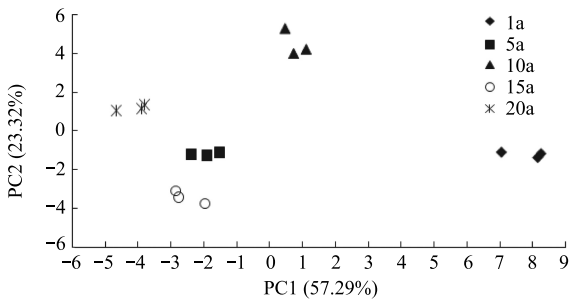


图 6 第三组棉田连作土壤微生物碳源利用主成分分析
Fig. 6 Principal component analysis on substrate utilization potential of microbial community of NO. 3 continuous cropping cotton soil

表 4 连作棉田 Biolog-Eco 板碳源在 PC1 和 PC2 上的载荷值(| r | > 0.6)
Table 4 Correlation analysis of different carbon source utilization with PC1 and PC2 (| r | > 0.6)

碳源		第一组 No. 1		第二组 No. 2		第三组 No. 3	
		PCA1	PCA2	PCA1	PCA2	PCA1	PCA2
Carbohydrates	D-木糖 D-Xylose	0.8	-0.19	-0.88	-0.43	0.94	-0.01
Carboxylic acids	D-半乳糖内酯 D-Galactonic Acidy-Lactone	0.99	-0.01	0.93	-0.36	0.87	-0.2
	D-苹果酸 D-Malic Acid	-0.78	-0.53	-0.65	0.74	0.96	0.22
	2\羧苯甲酸 2-Hydroxy Benzoic Acid	0.89	0.43	0.7	-0.12	0.87	-0.4
	D-半乳糖醛酸 D-Galacturonic Acid	0.93	-0.2	0.71	0.68	0.81	0.16
	衣康酸 Itaconic Acid	0.69	0.67	0.93	0	0.95	-0.08
Amino acids	L-精氨酸 L-Arginine	0.72	-0.34	0.99	0.14	0.73	-0.03
Polymers	吐温 40 Tween 40	0.99	0.08	0.97	-0.23	0.67	0.61
	吐温 80 Tween 80	0.92	-0.25	-0.89	0.26	0.74	-0.51
	肝糖 Glycogen	0.88	0.32	0.9	0	0.74	-0.48
Miscell- aneous	葡萄糖-1-磷酸盐 Glucose-1-Phosphate	0.93	0.28	0.7	-0.12	0.88	-0.23

与荒地相比,土壤开垦后过氧化氢酶活性增高,在连作初期(5—15a)呈下降的趋势,但随着连作年限的延长(10—15a 以后),活性又呈上升趋势。土壤开垦对磷酸酶、脲酶和蔗糖酶活性影响第一组和第二组变化趋势不一致。但开垦后,磷酸酶在连作初期(5—10a)呈下降趋势,随着连作年限的延长(10a 以上),活性呈上升趋势。随着连作年限的延长,第一组和第二组土样脲酶活性表现出先增高后降低的趋势,第三组土样正萆土壤脲酶活较高,在连作 5—15a 内,也表现出先增高后降低的趋势,但连作 20a 后有所增高。蔗糖酶活性在连作初中期(5—15a)表现出先升高后降低的趋势,但连作 20a 后有所增高。综上所述可以看出,4 种土壤酶活性在连作的初中期(5—15a),连作障碍表现明显,土壤酶活性呈下降(过氧化氢酶和磷酸酶)或先升高后下降(脲酶和蔗糖酶)趋势,但随着连作年限的延长(15—20a),这 4 种土壤酶活性均表现出增高趋势。

3 讨论

连作障碍的发生与根际微生态系统的失衡密切相关,长期连作可导致根际微生物群落结构和功能多样性

改变,降低有益微生物数量,增加土传病害菌数量,从而导致作物减产^[19,28,4]。

表 5 连作棉田土壤微生物数量和土壤酶

Table 5 The amount of soil microbes and soil enzymes for continuous cropping cotton field

	连作年限/a Continuous cropping years	细菌 Bacteria	放线菌 Actinomycete	真菌 Fungi	过氧化氢酶 Catalase	磷酸酶 Alkaline phosphatase	脲酶 Urease	蔗糖酶 Invertase
		/($\times 10^6$ cfu/g)	/($\times 10^4$ cfu/g)	/($\times 10^3$ cfu/g)	/(0.1 mol/L KMnO ₄ mL/g)	/(C ₆ H ₆ O mg/10g)	/(NH ₃ -N mg/10g)	/(C ₆ H ₁₂ O ₆ μg/g)
第一组 No. 1	0	0.33±0.08cC	1.48±0.37aA	0.03±0.02cC	2.18±0.23aA	12.78±0.32cC	4.65±0.42dD	0.65±0.07dD
	6	0.76±0.12bB	0.72±0.07bB	0.16±0.06cC	2.33±0.32aA	11.10±0.17dD	6.02±0.31cC	3.06±0.11cC
	15	1.13±0.11aA	1.23±0.15aAB	1.47±0.08bB	1.78±0.53aA	14.59±0.29bB	12.14±0.24aA	4.67±0.40bB
	20	0.85±0.09bB	1.59±0.06aA	3.85±0.39aA	1.97±0.37aA	15.42±0.16aA	8.63±0.45bB	5.33±0.16aA
第二组 No. 2	0	0.66±0.04dD	46.58±7.73cC	3.45±0.49cC	1.93±0.24abA	0.06±0.03dC	5.52±0.30aA	1.17±0.19cB
	1	4.02±0.10cC	111.52±11.51bB	22.38±3.61aA	2.4±0.56aA	6.11±0.17aA	5.34±0.37aA	1.22±0.26cB
	6	4.51±0.04bB	157.54±18.21aA	12.92±3.13bB	1.38±0.46bA	3.12±0.34cB	5.67±0.43aA	2.39±0.10aA
	9	5.41±0.24aA	103.48±13.40bB	19.31±2.29aAB	1.45±0.26bA	3.67±0.18bB	5.34±0.39aA	1.92±0.27bA
第三组 No. 3	1	8.39±1.17aA	122.80±8.19bcBC	4.27±0.41aA	2.30±0.53bcB	14.52±0.28cB	6.46±0.24cC	3.76±0.14bB
	5	7.86±0.24abA	176.10±14.12aA	4.04±0.81aA	2.78±0.42bB	7.94±0.40cD	3.58±0.41dD	2.09±0.17dD
	10	7.25±0.25bA	139.20±9.60bB	4.00±0.61abA	2.15±0.17cB	12.49±0.49dC	7.95±0.36bB	3.63±0.22bB
	15	5.67±0.11cB	114.50±4.13cC	3.04±0.19bA	2.55±0.26bcB	15.59±0.27bA	6.57±0.26cC	2.63±0.13cC
	20	4.88±0.25cB	128.30±6.68bcBC	4.08±0.55aA	3.95±0.17aA	16.39±0.17aA	9.60±0.39aA	4.82±0.20aA

每组同列的不同字母表示差异显著性水平;小写字母为 5% 显著水平;大写字母为 1% 显著水平

Biolog 分析表明开垦和连作对棉花根际土壤微生物群落功能多样性影响较大^[12,14-15,31-32]。研究表明,荒地土壤未进行耕种和施肥,有机质含量较低,土壤环境不利于微生物生长,微生物活性和多样性指数较低。随着土壤的开垦、施肥、灌溉和秸秆还田,有机质含量增高,微生物大量繁殖,且作物根系分泌物中自毒物质积累较少,所以微生物数量和种类较丰富,多样性指数较高^[33]。随着连作年限延长,根系分泌物中的自毒物质逐步积累^[3],对微生物数量和种类的抑制作用日趋显著^[34],微生物数量和种类也随之降低,AWCD 值和多样性指数都呈现降低的趋势,这与 Huaiying Yao 的研究结果一致^[35]。

碳源利用类型的主成分分析结果表明:连作棉田根际土壤微生物群落代谢功能多样性有显著差异,受影响最大的碳源主要是羧酸类和聚合物类,而这些碳源与根系分泌物关系密切,说明羧酸类和聚合物类的根系分泌物对微生物群落功能有较大影响。研究表明,根系分泌物在连作障碍中起到了直接或间接的作用,作物的连作障碍与根系分泌物密切相关。这些物质对微生物和植株具有自毒作用,连续种植可导致其积累,进而发生连作障碍^[36,37]。

土壤微生物是土壤活的有机体,是最活跃的土壤肥力因子之一^[38]。棉花根际土壤可培养微生物数量与 AWCD 值的变化趋势较为一致,即开垦后数量高于未开垦土壤。细菌连作初期(5—10a)较高,随着连作年限的延长(10—15a 以后),呈下降趋势;真菌在连作多年后(10—15a 以后)数量开始增加。连作条件下,棉花根际土壤由“细菌性土壤”向“真菌性土壤”转变的这种趋势在许多作物上均有所表现^[14,39-40,4]。随着连作年限延长,微生物结构和数量的变化,将直接影响棉花健康生长和产量。研究表明四种棉花根际土壤酶活性在连作的初中期(5—15a),连作障碍表现明显,土壤酶活性呈下降(过氧化氢酶和磷酸酶)或先升高后下降(脲酶和蔗糖酶)趋势,但随着连作年限的延长(15—20a),这 4 种土壤酶活性均表现出增高趋势。刘建国等研究认为,土壤酶在逆境环境条件下具有一定的抗逆性,随着连作年限的延长,土壤酶相对稳定的保护容量在新环境下逐步恢复,酶活性呈增高趋势^[27]。产生这种现象原因有待进一步研究。

由于本文采用传统的微生物培养方法、土壤酶测定和 Biolog 方法还存在着一定的局限性,信息还不够全面,还需结合一些其他测定微生物多样性的方法(如磷脂脂肪酸分析和分子生物技术等)及对根系分泌物研

究,来进一步明确连作对微生物群落多样性及功能的影响,为采用生态调控措施防治棉花连作障碍提供理论依据。

References:

- [1] Ma Y H, Wei M, Wang X F. Variation of microflora and enzyme activity in continuous cropping cucumber soil in solar greenhouse. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(6):1005-1008.
- [2] Liu P, Zhao H J, Wan S B, Ren H X, Li J, Yang L, Yu S F. Effect of continuous cropping on allelopathy of peanut root exudates. *Chinese Journal of Eco\Agriculture*. 2011, 19(3):639-644.
- [3] S. Vargas Gil, J. Meriles, C. Conforto, G. Figoni, M. Basanta, E. Lovera and G. J. March. Field assessment of soil biological and chemical quality in response to crop management practices. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2009, 25(3):439-448.
- [4] Zhang Z Y, Chen H, Yang Y H, Chen T, Lin R Y, Chen X J, Lin W X. Effects of continuous cropping on bacterial community diversity in rhizosphere soil of *Rehmannia glutinosa*. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(11):2843-2848.
- [5] Van Bruggen AHC, Semenov AM. In search of biological indicators for soil health and disease suppression. *Applied Soil Ecology*, 2000, 15:13-24.
- [6] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54:801-808.
- [7] Schlöter M, Dilly O, Münch JC. Indicators for evaluating soil quality. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2003, 98:255-262.
- [8] Bossio D A, Fleck J A, Scow K M, Fujii R. Alteration of soil microbial communities and water quality in restored wetlands. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38:1223-1233.
- [9] Lupwayi N Z, Rice W A, Clayton G W. Soil microbial biomass and carbon dioxide flux under wheat as influenced by tillage and crop rotation. *Canadian Journal of Soil Science*, 1999, 79:273-280.
- [10] Lupwayi N Z, Rice W A, Clayton G W. Soil microbial diversity and community structure under wheat as influenced by tillage and crop rotation. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 30:1733-1741.
- [11] Wu F Z, Wang X Z. Effect of Monocropping and Rotation on Soil Microbial Community Diversity and Cucumber Yield, Quality Under Protected Cultivation. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(10):2274-2280.
- [12] Hu Y S, Wu K, Li C X, Jia X C. Effect of Continuous Cropping of Cucumber on Soil Microbial Population II ——Variation Analysis Based on DGGE Approach, *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(10):2267-2273.
- [13] Li C G, Li X M, Wang J G. Effect of soybean continuous cropping on bulk and rhizosphere soil microbial community function. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(4):1144-1150.
- [14] Shi P, Gao Q, Wang S, Zhang Y. Effects of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(22):6173-6182.
- [15] Ma K, Zhang L, Du Q, Song N P. Effect of Potato Continuous Cropping on Soil Microorganism Community Structure and Function. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2010, 24(4):229-233.
- [16] Han C L, Liu J, Zhang W F, Liu M, Huang W J, Gao X M, Zhang H Z. Biocycling of nine mineral elements of soil-cotton system in Xinjiang oasis. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(22):6234-6241.
- [19] Liu J G, Zhang W, Li Y B, Sun Y Y, Bian X M. Effects of Long-Term Continuous Cropping System of Cotton on Soil Physical-Chemical Properties and Activities of Soil Enzyme in Oasis in Xinjiang. *Scientia Agricultura Sinica*, 2009, 42(2):725-733.
- [20] Han J, Zhang J W, Xu W X, Luo M, Wu L L. Dynamics Analysis of Culturable Soil Microflora and Microbial Activity in Continuous and Rotation Cropping Systems of Xinjiang Cotton. *Cotton Science*, 2011, 23(1):69-74.
- [21] Liu Y, Liang Y C, Chu G X, Ye J, Liu T, Zheng X R. Effects of long-term cotton monocropping on soil biological characteristics and enzyme activities in Northern Xinjiang. *Ecology and Environmental Sciences*, 2010, 19(7):1586-1592.
- [22] Zhang H Y, He J Z, Xu B, Gong M F, Zhang L L. Variety of Soil Microbial Structure in Continuous Cropping Cotton Field in South Xinjiang, *Microbiology China*, 2010, 37(5):689-695.
- [23] Wu X P, Liu Z J, Zhao Y H, Liu G S, Yang C, Guo W L, Jing D M. Effects of sesame cake fertilizer on soil enzyme activities and microbial C and N at rhizosphere of tobacco. *Plant Nutrition and Fertilizing Science*, 2005, 11(4):541-546.
- [27] Campbell C D, Grayston S J, Hirst D J. Use of rhizosphere carbon sources in sole carbon source tests to discriminate soil microbial communities. *Journal of Microbiological Methods*, 1997, 30:33-41.
- [28] Zabinski C A, Gannon J E. Effects of recreational impacts on soil microbial communities. *Environ Man*, 1997, 21(2):233-238.
- [29] Zhan X Y, Wu D X, Zhang L, Zhang C J, Zhou S X, Yang Y X. Response of microbial community functional diversity in the rhizosphere of *Caragana microphylla* to environmental change. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(12):3087-3097.
- [30] Cao J, Wu J, Zhao X R, Li G T, Sun M D, Cao Q C, Lin Q M. Carbon catabolic diversity characters of 9 chestnut soils in Beijing. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(2):0527-0532.
- [31] Zhang L R, Kang P Z, Shen R Q, Guo C J, Zhu J X, Ha J H, Wu H L. Effects of Different Crop Planting Patterns on Functional Diversity of Soil Microbial Communities on Newly Developed Lands. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2009, 12:65-68.
- [32] Yin R, Zhang H Y, Huang J F, Lin X G, Wang J H, Cao Z H. Comparison of microbiological properties between soils of rice-wheat rotation and vegetable cultivation. *Plant Nutrition and Fertilizing Science*, 2004, 10(1):57-62.
- [33] Zhao X L, Liu X H, He J Z, Wan C X, Gong M F, Zhang L L. Effects of Cotton Root Exudates on Available Soil Nutrition, Enzyme Activity and Microorganism Quantity. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2009, 29(7):1426-1431.
- [34] Wang S Q, Han X Z, Qiao Y F. Allelopathy of Root Exudates and Their Effects on Rhizosphere Microorganism. *Chinese Journal of Soil Science*,

2007, 38(6):1219-1226.

- [35] Huaiying Yao, Xiaodan Jiao, Fengzhi Wu. Effects of continuous cucumber cropping and alternative rotations under protected cultivation on soil microbial community diversity. *Plant and Soil*, 2006, 284:195-203.
- [36] Qiu L Y, Qi Y C, Wang M D, Jia X C. Relationship Between Secondary Metabolite Autotoxic to Plant and Continuous Cropping Obstacles. *Soils*, 2010, 42(1):1-7.
- [37] Nardi S, Concheri G, Pizzeghello D, et al. Soil organic matter mobilization by root exudates. *Chemosphere*, 2000, 5:653-658.
- [38] Xu W X, Luo M, Li Y P, Han J, Wang J, Shu C X, Yu H. Effects of crop stubbles on cotton yield and soil environment in continuously cropped cotton field. *Transaction of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2011, 37(3):271-275.
- [39] Liu S H, Liu S Q, Zhang Z K, Wei H, Qi J J, Duan J F. Influence of Garlic Continuous Cropping on Rhizosphere Soil Microorganisms and Enzyme Activities. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(5):1000-1006.
- [40] Sun Q, Chen R, Song N P, Wang Q F, Wang R. Change Trends of Soil Nutrients, Enzyme Activities, and Microbial Composition in Continuous Potato Cropping System in Semi-arid and Cool Hilly Area of Ningxia. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2010, 24(6):208-212.

参考文献:

- [1] 马云华, 魏珉, 王秀峰. 日光温室连作黄瓜根区微生物区系及酶活性的变化. *应用生态学报*, 2004, 15(6):1005-1008.
- [2] 刘苹, 赵海军, 万书波, 任海霞, 李瑾, 杨力, 于淑芳. 连作对花生根系分泌物化感作用的影响. *中国生态农业学报*, 2011, 19(3):639-644.
- [4] 张重义, 陈慧, 杨艳会, 陈婷, 林瑞余, 陈新建, 林文雄. 连作对地黄根际土壤细菌群落多样性的影响. *应用生态学报*, 2010, 21(11):2843-2848.
- [11] 吴凤芝, 王学征. 设施黄瓜连作和轮作中土壤微生物群落多样性的变化及其与产量品质的关系. *中国农业科学*, 2007, 40(10):2274-2280.
- [12] 胡元森, 吴坤, 李翠香, 贾新成. 黄瓜连作对土壤微生物区系影响 II——基于 DGGE 方法对微生物种群的变化分析. *中国农业科学*, 2007, 40(10):2267-2273.
- [13] 李春格, 李晓鸣, 王敬国. 大豆连作对土体和根际微生物群落功能的影响. *生态学报*, 2006, 26(4):1144-1150.
- [14] 时鹏, 高强, 王淑平, 张妍. 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响. *生态学报*, 2010, 30(22):6173-6182.
- [15] 马琨, 张丽, 杜茜, 宋乃平. 马铃薯连作栽培对土壤微生物群落的影响. *水土保持学报*, 2010, 24(4):229-233.
- [16] 韩春丽, 刘娟, 张旺锋, 刘梅, 黄皖疆, 高旭梅, 张宏芝. 新疆绿洲农田土壤-棉花系统 9 种矿质元素生物循环特征. *生态学报*, 2010, 30(22):6234-6241.
- [17] 姚源松主编. 新疆棉花高产优质高效理论与实践. 新疆科学技术出版社, 2004.
- [18] 刘晏良主编. 棉花发展战略研究. 北京: 中国统计出版社, 2006.
- [19] 刘建国, 张伟, 李彦斌, 孙艳艳, 卞新民. 新疆绿洲棉花长期连作对土壤理化性状与土壤酶活性的影响. *中国农业科学*, 2009, 42(2):725-733.
- [20] 韩剑, 张静文, 徐文修, 罗明, 吴莉莉. 新疆连作、轮作棉田可培养的土壤微生物区系及活性分析. *棉花学报*, 2011, 23(1):69-74.
- [21] 刘瑜, 梁永超, 褚贵新, 治军, 刘涛, 郑旭荣. 长期棉花连作对北疆棉区土壤生物活性与酶学性状的影响. *生态环境学报*, 2010, 19(7):1586-1592.
- [22] 张海燕, 贺江舟, 徐彪, 龚明福, 张莉莉. 新疆南疆不同连作年限棉田土壤微生物群落结构的变化. *微生物学通报*, 2010, 37(5):689-695.
- [23] 武雪萍, 刘增俊, 赵跃华, 刘国顺, 杨超, 郭伟玲, 荆冬梅. 施用芝麻饼肥对植烟根际土壤酶活性和微生物碳、氮的影响. *植物营养与肥料学报*, 2005, 11(4):541-546.
- [24] 鲁如坤主编. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [25] 姚槐应, 黄昌勇等编著. 土壤微生物生态学及其实验技术. 北京: 科学出版社, 2006.
- [26] 关松荫等编著. 土壤酶及其研究法. 北京: 农业出版社, 1986.
- [29] 展小云, 吴冬秀, 张琳, 张灿娟, 周双喜, 杨云霞. 小叶锦鸡儿根际微生物群落功能多样性对环境变化的响应. *生态学报*, 2010, 30(12):3087-3097.
- [30] 曹均, 吴姬, 赵小蓉, 李贵桐, 孙明德, 曹庆昌, 林启美. 北京 9 个典型板栗园土壤碳代谢微生物多样性特征. *生态学报*, 2010, 30(2):0527-0532.
- [31] 张丽荣, 康萍芝, 沈瑞清, 郭成瑾, 朱建祥, 哈金华, 吴惠玲. 不同作物种植模式对新垦农田土壤微生物群落功能多样性的影响. *河南农业科学*, 2009, 12:65-68.
- [32] 尹睿, 张华勇, 黄锦法, 林先贵, 王俊华, 曹志洪. 保护地菜田与稻麦轮作田土壤微生物学特征的比较. *植物营养与肥料学报*, 2004, 10(1):57-62.
- [33] 赵小亮, 刘新虎, 贺江舟, 万传星, 龚明福, 张莉莉. 棉花根系分泌物对土壤速效养分和酶活性及微生物数量的影响. *西北植物学报*, 2009, 29(7):1426-1431.
- [34] 王树起, 韩晓增, 乔云发. 根系分泌物的化感作用及其对土壤微生物的影响. *土壤通报*, 2007, 38(6):1219-1226.
- [36] 邱立友, 戚元成, 王明道, 贾新成. 植物次生代谢物的自毒作用及其与连作障碍的关系. *土壤*, 2010, 42(1):1-7.
- [38] 徐文修, 罗明, 李银平, 韩剑, 王娇, 舒春霞, 余虹. 作物茬口对连作棉田土壤环境及棉花产量的影响. *农业工程学报*, 2011, 37(3):271-275.
- [39] 刘素慧, 刘世琦, 张自坤, 尉辉, 齐建建, 段吉峰. 大蒜连作对其根际土壤微生物和酶活性的影响. *中国农业科学*, 2010, 43(5):1000-1006.
- [40] 孙权, 陈茹, 宋乃平, 王青凤, 王锐. 宁南黄土地陵区马铃薯连作土壤养分、酶活性和微生物区系的演变. *水土保持学报*, 2010, 24(6):208-212.

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 Meiyang, 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 roborowskii</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@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