

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

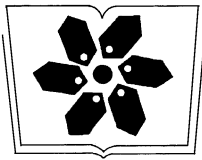
Acta Ecologica Sinica



第32卷 第13期 Vol.32 No.13 **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



生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

中国科学院科学出版基金资助出版

第 32 卷 第 13 期

2012 年 7 月 (半月刊)

目 次

砂质潮间带自由生活海洋线虫对缺氧的响应——微型受控生态系研究.....	华 尔, 李 佳, 董 洁, 等 (3975)
植物种群自疏过程中构件生物量与密度的关系	黎 磊, 周道玮, 盛连喜 (3987)
基于景观感知敏感度的生态旅游地观光线路自动选址.....	李继峰, 李仁杰 (3998)
基于能值的沼气农业生态系统可持续发展水平综合评价——以恭城县为例.....	杨 谨, 陈 彬, 刘耕源 (4007)
内蒙古荒漠草原植被盖度的空间异质性动态分析.....	颜 亮, 周广胜, 张 峰, 等 (4017)
典型草地的土壤保持价值流量过程比较.....	裴 厦, 谢高地, 李士美, 等 (4025)
长沙市区马尾松人工林生态系统碳储量及其空间分布.....	巫 涛, 彭重华, 田大伦, 等 (4034)
厦门市七种药用植物根围 AM 真菌的侵染率和多样性	姜 攀, 王明元 (4043)
Cd、低 Pb/Cd 下冬小麦幼苗根系分泌物酚酸、糖类及与根际土壤微生物活性的关系	贾 夏, 董岁明, 周春娟 (4052)
凉水保护区土壤产类漆酶-多铜氧化酶细菌群落结构	赵 丹, 谷惠琦, 崔岱宗, 等 (4062)
盐渍化土壤根际微生物群落及土壤因子对 AM 真菌的影响.....	卢鑫萍, 杜 茜, 闫永利, 等 (4071)
菌丝室接种解磷细菌 <i>Bacillus megaterium</i> C4 对土壤有机磷矿化和植物吸收的影响.....	张 林, 丁效东, 王 菲, 等 (4079)
闽江河口不同河段芦苇湿地土壤碳氮磷生态化学计量学特征.....	王维奇, 王 纯, 曾从盛, 等 (4087)
高山森林三种细根分解初期微生物生物量动态.....	武志超, 吴福忠, 杨万勤, 等 (4094)
模拟降水对古尔班通古特沙漠生物结皮表观土壤碳通量的影响	吴 林, 苏延桂, 张元明 (4103)
铁皮石斛组培苗移栽驯化过程中叶片光合特性、超微结构及根系活力的变化	濮晓珍, 尹春英, 周晓波, 等 (4114)
不同产量水平旱地冬小麦品种干物质累积和转移的差异分析.....	周 玲, 王朝辉, 李富翠, 等 (4123)
基于作物模型的低温冷害对我国东北三省玉米产量影响评估.....	张建平, 王春乙, 赵艳霞, 等 (4132)
黄土高原 1961—2009 年参考作物蒸散量的时空变异.....	李 志 (4139)
莫莫格湿地芦苇对水盐变化的生理生态响应.....	邓春暖, 章光新, 李红艳, 等 (4146)
不同蚯蚓采样方法对比研究.....	范如芹, 张晓平, 梁爱珍, 等 (4154)
亚洲玉米螟成虫寿命与繁殖力的地理差异.....	涂小云, 陈元生, 夏勤雯, 等 (4160)
黑河上游天然草地蝗虫空间异质性与分布格局.....	赵成章, 李丽丽, 王大为, 等 (4166)
苦瓜叶乙酸乙酯提取物对斜纹夜蛾实验种群的抑制作用.....	骆 颖, 凌 冰, 谢杰峰, 等 (4173)
长江口中国花鲈食性分析.....	洪巧巧, 庄 平, 杨 刚, 等 (4181)
基于线粒体控制区序列的黄河上游厚唇裸重唇鱼种群遗传结构.....	苏军虎, 张艳萍, 娄忠玉, 等 (4191)
镉暴露对黑斑蛙精巢 ROS 的诱导及其蛋白质氧化损伤作用机理	曹 慧, 施蔡雷, 贾秀英 (4199)
北方草地牛粪中金龟子的多样性.....	樊三龙, 方 红, 高传部, 等 (4207)
合肥秋冬季茶园天敌对假眼小绿叶蝉和茶蚜的空间跟随关系.....	杨 林, 郭 骅, 毕守东, 等 (4215)
植被、海拔、人为干扰对大中型野生动物分布的影响——以九寨沟自然保护区为例.....	张 跃, 雷开明, 张语克, 等 (4228)
基于社会网络分析法的生态工业园典型案例研究.....	杨丽花, 佟连军 (4236)
基于生命周期的户用沼气系统可用能核算——以广西恭城瑶族自治县为例.....	齐 静, 陈 彬, 戴 婧, 等 (4246)
专论与综述	
水文情势与盐分变化对湿地植被的影响研究综述	章光新 (4254)
松嫩碱化草甸土壤种子库格局、动态研究进展	马红媛, 梁正伟, 吕丙盛, 等 (4261)
一种新的景观扩张指数的定义与实现	武鹏飞, 周德民, 官辉力 (4270)
研究简报	
华山新麦草光合特性对干旱胁迫的响应.....	李 倩, 王 明, 王雯雯, 等 (4278)
美丽海绵提取物防污损作用.....	曹文浩, 严 涛, 刘永宏, 等 (4285)

期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 306 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 37 * 2012-07



封面图说: 涵养水源——在长白山南坡的峭壁上, 生长在坡面上的森林所涵养的水源还在汨汨地往下流个不停, 深红色的落叶掉在了苔藓上, 这里已经是长白山的深秋了。虽然雨季已经过去了很久, 但是林下厚厚的枯枝落叶层、腐殖质层、苔藓草本层所涵养的水分还在不间断地流淌, 细细的水线在壁下汇成了溪、汇成了河。涵养水源是森林的主要生态功能之一。

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

DOI: 10.5846/stxb201105300726

卢鑫萍, 杜茜, 闫永利, 马琨, 王占军, 蒋齐. 盐渍化土壤根际微生物群落及土壤因子对 AM 真菌的影响. 生态学报, 2012, 32(13): 4071-4078.

Lu X P, Du Q, Yan Y L, Ma K, Wang Z J, Jiang Q. Effects of soil rhizosphere microbial community and soil factors on arbuscular mycorrhizal fungi in different salinized soils. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(13): 4071-4078.

盐渍化土壤根际微生物群落及 土壤因子对 AM 真菌的影响

卢鑫萍¹, 杜茜², 闫永利³, 马琨^{1,*}, 王占军⁴, 蒋齐⁴

(1. 宁夏大学农学院, 银川 750021; 2. 北方民族大学生命科学院, 银川 750021;

3. 宁夏进出口检验检疫局综合技术中心, 银川 750001; 4. 宁夏农林科学院沙漠治理研究所, 银川 750002)

摘要:为探明盐渍化土壤影响下 AM 真菌与根际土壤间的关系, 试验选取宁夏碱化龟裂土、草甸盐土、盐化灌淤土 3 种类型 4 个样地上典型植被群落, 测定了植物根际土壤养分含量、微生物群落结构、AM 真菌侵染率以及孢子密度。结果显示: 盐渍化土壤根际微生物碳源利用类型显著不同, 对芳香类化合物的代谢能力整体较弱; 红寺堡草甸盐土上微生物优势群落为氨基酸代谢类群, 惠农盐化灌淤土为多聚化合物代谢群, 西大滩碱化龟裂土为碳水化合物代谢群。AM 真菌孢子密度与微生物碳源代谢群间的关系比较复杂。其中, 惠农样点根际土壤孢子密度与多聚化合物微生物代谢群呈显著正相关, 西大滩地区孢子密度与碳水化合物微生物代谢群呈显著正相关。土壤有机质、全盐、全氮、碱解氮等土壤肥力因子及土壤中的 HCO_3^- 、 Na^+ 、 Cl^- 等盐基离子含量能解释 AM 真菌孢子密度与土壤环境因子之间相互关系的大部分信息。较高的 HCO_3^- 浓度促进了 AM 真菌侵染率的提高, 但高盐浓度下 Na^+ 和 Cl^- 降低了菌根侵染率。土壤对 AM 真菌孢子密度、侵染率的影响因土壤盐分组成类型的不同而异。研究结果为深入了解 AM 真菌多样性, 促进宁夏盐碱地的合理开发与利用提供了理论依据。

关键词: AM 真菌; 微生物群落; 土壤因子; 碳源; 盐渍化土壤

Effects of soil rhizosphere microbial community and soil factors on arbuscular mycorrhizal fungi in different salinized soils

LU Xinping¹, DU Qian², YAN Yongli³, MA Kun^{1,*}, WANG Zhanjun⁴, JIANG Qi⁴

1 College of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

2 College of Life Sciences, North University for Nationalities, Yinchuan 750021, China

3 Comprehensive Technological Center, Import and Export Commodity Inspection and Quarantine Bureau, Yinchuan 750001, China

4 Desert Institute, Academy of Agricultural and Forestry Sciences in Ningxia, Yinchuan 750002, China

Abstract: Soils in the arid and semiarid regions face to salinization that adversely affect plant growth and cause crop yields and quality to decrease. In Ningxia Hui Autonomy province of China, severity of soil salinization differs in different regions. As arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) are important group of soil biota, understanding the relationship between soil salinization and the AMF is critical for successful utilization of AMF in different types of saline conditions. To test whether and how soil microbial community and soil salt stress will interactively affect arbuscular mycorrhizal fungi, we conducted a study by sampling soils from three types of saline soil with the typical plant communities in Ningxia. The three types of saline soils were alkaline soil, meadow solonchak and saline anthropogenic-alluvial soil. Four locations were sampled for each soil type. We first tested the structure of microbial community and the functional diversity of microorganism in the

基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划项目(2011BAC07B03); 宁夏科技攻关项目(NXGJ2009-3); 宁夏自然科学基金(NZ0956)

收稿日期: 2011-05-30; **修订日期:** 2012-02-07

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: makun0411@163.com

rhizosphere soil by dilution plating and ECO-plate technique, Then we examined measured the spore density and colonization rate of AMF. Soil property and base cations and anions were also measured. Multivariate statistical analyses were conducted to compare the effect of soil microbial community and soil factors on AMF in different kinds of salinized soils. The relationship among the spore densities, colonization rates of AMF in plant rhizosphere, the structure and function of microorganisms communities and soil physical and chemical characteristics were analyzed.

The results showed that spore density of AMF differed in soil types. The highest spore density was found in Xidatan I, and that the lowest was found in Huinong. The quantity and the distribution of microbes in rhizosphere were shown as follows: bacteria> actinomycetes> fungi. Bacteria was the dominant community in all the four sampling sites. The major microbial community was amino acid metabolism groups for the meadow solonchak in Hongsipu site, The bacteria of amine compounds metabolism groups and the bacteria of carbohydrate metabolism groups were the dominant species in Huinong and in Xidatan respectively. Except in Xidatan II, the rhizosphere microorganism had a lower ability of metabolism on aromatic compounds in all the other three locations.

Our results also indicated that the ability of carbon source utilization of soil microorganisms was significantly different. With incubation time increasing, the average well color development(AWCD) tended to increase in the ECO plate. Ninety-six hours after incubation, AWCD in the ECO plate for four sampling sites was ranked as the follows: Huinong> Xidatan I >Xidatan II> Hongsipu. The relationship between spore density of AMF and the microbe carbon metabolism groups was very complex. The spore density of AMF in Huinong was positively correlated with the bacteria of polymer compounds metabolism groups and had a significant positive correlation with microbial carbohydrate metabolism groups in Xidatan.

Redundancy analysis (RDA) indicated that soil organic matter, total salt, total nitrogen, available nitrogen and the other soil factors including HCO_3^- , Na^+ , Cl^- could be used to explain the relationship between the spore density of AMF and the soil environmental factors in different soil sampling sites. There was close relationship among soil organic matter, total salt, total nitrogen, available nitrogen and spore density, and colonization rate. The spore density and colonization rate of AMF had close relationships with HCO_3^- . The colonization rate of AMF was promoted owing to the higher concentration of HCO_3^- . But, there was a negative relationship between the content of Na^+ , Cl^- and colonization rate of AMF. To some extent, the colonization rate of AMF was inhibited by the higher concentration of Na^+ , Cl^- . Our results suggested that the different effects of rhizosphere soil microbial community and soil factors on arbuscular mycorrhizal fungi may be due to the differences of salt components and soil nutrition in salinized soils.

The result from our study provide important data for understanding the diversities of AMF and for promoting reasonable development and utilization of salinized soils in Ningxia.

Key Words: arbuscular mycorrhizal fungi; microbial community; soil factors; carbon sources; salinized soil

土壤盐渍化是世界各国农业生产过程中逐步出现的问题,特别是在干旱和半干旱地区尤为严重^[1]。受灌溉、蒸发、地下水位、排水等的影响,因地势低平、排水不畅,宁夏盐渍化土壤大面积分布。宁夏银川以南地区分布的是斑状轻度盐化浅色草甸土,以北地区分布的是斑状中、强度盐化草甸土和浅色草甸盐土,在封闭洼地还有白僵土。由于地形和地下径流流速的差异,盐分产生分异作用,土壤盐分类型主要以氯化物-硫酸盐、碳酸钠-重碳酸钠、硫酸盐-氯化物为主。

丛枝菌根(AM)是一种常见的内生菌根,是自然界中真菌与植物根系所形成的一种互惠共生体,对植物具有广泛的侵染性^[2]。许多研究表明:AM真菌广泛存在于盐渍化土壤中^[3],盐渍化土壤AM真菌的种类多于农田及沿海地区,并且主要以摩西球囊霉属(*Glomus*)、无梗囊霉属(*Acaulospora*)为主^[4],黄河三角洲盐碱土中摩西球囊霉属(*Glomus*)有24种,占全部种属的3/4^[5]。欧洲内陆盐沼地区盐生植物根际土壤中摩西球囊霉属(*Glomus*)孢子数量最多^[6]。盐胁迫条件下,AM真菌能促进植物对营养元素的吸收,提高植物光合作用

和水分利用率,增强植物组织抗过氧化酶的活性,减轻地上部盐害,提高植物耐盐碱能力。

AM 真菌种属的差别因土壤因子、气候类型、降水等条件而有所不同^[7]。AM 真菌可以通过改变土壤微生物区系来影响根际土壤,与根际土壤微生物共同影响着植物群落和陆地生态系统,对土壤的形成发育、肥力演变和物质循环等均有重大作用^[8-10]。尽管 AM 真菌在生态系统功能中占有重要的地位,并且菌根侵染率、孢子密度作为反映土壤生态特性的重要指标与土壤因子间有着密切联系^[8,11]。然而迄今,针对宁夏地区盐渍化土壤中 AM 真菌与微生物群落多样性、土壤因子之间的关系与盐渍化对 AM 真菌多样性、分布等的影响还缺乏足够的了解。所以,本文旨在探讨盐渍化土壤 AM 真菌与根际微生物及土壤因子的关系,以期为深入了解 AM 真菌与植物共生的生态学意义,探索 AM 真菌在盐渍化生态系统演替和进化过程中的作用,促进宁夏盐碱地菌根资源的合理开发与利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验样品采集

2009 年秋季,在宁夏吴忠市红寺堡、宁夏石嘴山市惠农区礼和乡、宁夏石嘴山市平罗县西大滩前进农场一站五队三种典型盐渍化土壤类型分布的四个地点进行样品采集(表 1),各采样点盐碱地自然分布的典型植被群落 1 m² 样方内,除去 5 cm 表层土后,采用抖土法采集根际土样。每个地点各种植物的根际土进行混合,重复多次。采集样方内不同植物的根系,将带有细根的根系放入 FAA 固定液中,做好标记。根际土样低温保存,带回实验室进行相关指标的分析与测定。

表 1 不同采样地点土壤与植被状况

Table 1 Soil types and vegetation condition of different soil sampling sites

采样地点 Sampling sites	土壤类型 Soil types	海拔 Elevation/m	经度 Longitude	纬度 Latitude	宿主植物 Host plants
红寺堡 Hongsiyu	草甸盐土	1210	E106°6'55.2"	N37°26'30.3"	碱蓬 <i>Suaeda glauca</i> Bge, 尖叶盐爪爪 <i>Kalidium foliatum</i> (Pall.) Moq., 白刺 <i>Nitraria tangutorum</i> Bobr., 白茎盐生草 <i>Halogeton arachnoideus</i> Moq, 芦苇 <i>Phragmites australis</i>
惠农 Huinong	盐化灌淤土	1084	E106°47'5.8"	N39°5'32"	碱蓬 <i>Suaeda glauca</i> Bge, 白茎盐生草 <i>Halogeton arachnoideus</i> Moq, 芦苇 <i>Phragmites australis</i>
西大滩 I Xidatan I	龟裂碱土	1097	E106°26'3.8"	N38°50'19"	猪毛蒿 <i>Artemisia scoparia</i> Waldst. et Kit., 芨芨草 <i>Achnatherum splendens</i> , 白茎盐生草 <i>Halogeton arachnoideus</i> Moq
西大滩 II Xidatan II	龟裂碱土	1097	E106°25'3.2"	N38°53'12"	苦买菜 <i>Lactuca indic</i> L., 蒙山莴苣 <i>Lactucatatarica</i> (L.) C. A. Mey.

1.2 AM 真菌孢子密度测定与土壤基本理化性状分析方法

从带根土样中取 100 g 风干土 2 份,其中 1 份在 105 ℃ 下烘干至恒重,测定土壤含水量;另 1 份用湿筛倾析法分离孢子于培养皿内,在解剖镜下分格计数(孢子果按 1 个孢子计数),计算每 100 g 风干土中的孢子数。植物根系洗净,采用透明压片法制片,测定菌根侵染率^[12]。根际土壤有机质、全氮、全磷、碱解氮、速效磷、速效钾、pH 值的测定分别采用重铬酸钾容量法、半微量开氏法、硫酸-高氯酸消煮-钼锑抗比色法、碱解扩散法、Olsen 法、NH₄OAc 浸提-火焰光度法测定,pH 值水土比为 5:1^[13],土壤基本理化性状见表 2。

1.3 根际土壤微生物结构组成及 BIOLOG 测定方法

采用 BIOLOG-ECO 板来确定根际土壤微生物群落水平的生理分布。先称取相当于 10 g 干土重的新鲜土壤,加入 90 g 无菌水,在 180 次/min 条件下往复振荡 10 min,在 4 ℃ 条件下沉降 30 min,然后吸取 1 mL 土壤悬浊液到 99 mL 无菌水中,稀释到 10⁻³ 浓度,吸取 125 μL 样品接种于 ECO 板的 96 孔中,每 24 h 利用读板机于 590 nm 处读数 1 次,连续读数 7d。根际土壤细菌、真菌及放线菌分别采用牛肉膏-蛋白胨培养基、马丁氏培养基和高氏 I 号培养基培养,平板计数^[14]。

表2 不同地区各采样点土壤基本理化性状

Table 2 The basic physical and chemical properties in the different soil sampling sites

采样点 Sampling sites	全氮 TN/(g/kg)	全磷 TP/(g/kg)	有机质 OM/(mg/kg)	碱解氮 AN/(mg/kg)	速效磷 P/(mg/kg)	速效钾 K/(mg/kg)	pH	全盐 TS/%
红寺堡	0.36±0.007 C	0.32±0.01 B	129.71±1.48 C	16.24±0.42 C	18.59±1.76 B	180±0 D	7.55±0.35 B	0.50±0.01 B
惠农	0.57±0.003 B	0.60±0.10 A	252.25±1.67 B	21.84±2.35 B	32.74±1.33 A	190±0 C	8.36±0.03 A	1.25±0.02 A
西大滩 I	0.68±0.006 A	0.65±0.03 A	303.72±1.80 A	29.40±0.29 A	5.46±0.49 B	253.3±5.77 B	8.46±0.01 A	0.10±0 D
西大滩 II	0.33±0.001 D	0.65±0.06 A	126.80±6.38 A	15.72±2.18 C	12.86±1.23 C	273.3±5.77 A	8.17±0.02 A	0.26±0.02 C

TN: Total nitrogen; TP: Total phosphorus; OM: Organic matter; AN: Available nitrogen; TS: Total salt; 同一列数据后不同字母表示处理间差异显著 ($P<0.01$)

1.4 实验数据处理

数据采用 SAS(V8) 进行统计, CCA 分析和 RDA 分析采用 Canoco 4.5。

2 结果与分析

2.1 根际土壤 AM 真菌孢子密度、侵染率与微生物群落结构的关系

由表 3 可见, 根际土壤 AM 真菌孢子密度的大小表现为: 西大滩 I > 红寺堡 > 西大滩 II > 惠农。其中, 西大滩 I 采样点的 AM 真菌孢子密度分别是惠农和红寺堡的 1.66 倍和 1.19 倍。西大滩 I 和西大滩 II 的菌根侵染率无显著差异, 但均明显高于红寺堡和惠农地区, 平均提高了 20.27%—27.03%。不同采样点根际土壤微生物群落数量均表现为细菌数量最大, 放线菌其次, 真菌数量最少, 细菌群落数量占有明显的优势。红寺堡和惠农地区细菌群落数量差别较小, 但明显低于西大滩地区, 仅为西大滩 I 取样点的 21.59% 和 22.01%; 真菌数量相当于西大滩 I 的 39.21% 和 49.09%, 放线菌数量最少, 仅为 1.14% 和 1.28%。除西大滩 II 采样点外, 其余样点孢子密度和微生物数量表现出一定的相关关系, 即西大滩地区的孢子密度大, 微生物群落数量多, 红寺堡和惠农的孢子密度小, 微生物数量少。

表3 植物根际土壤 AM 真菌孢子密度、侵染率与微生物群落结构组成

Table 3 Spore density, colonization rate of AM fungi and the rhizosphere soil microbial community composition

采样点 Sampling sites	孢子密度 /(个/100g) Spore density	菌根侵染率/% colonization rate	细菌数量 /($\times 10^4$ CFU/g) Bacteria quantity	真菌数量 /($\times 10$ CFU/g) Fungi quantity	放线菌数量 /($\times 10^3$ CFU/g) Actinomycetes quantity
红寺堡 Hongsipu	143±51 A	77±2.5 B	47±5.30 C	48.7±2.90 C	25±3.41 C
惠农 Huinong	103±26 A	74±4.7 B	90±10.10 B	67.9±15.90 B	38±15.73 C
西大滩 I Xidatan I	171±13 A	94±2.1 A	213±16.92 A	99.1±10.60 A	2191±134.72 A
西大滩 II Xidatan II	113±9 A	89±4.9 A	209±5.43 A	99.2 ±9.60 A	1265±55.60 B

同一列数据后不同字母表示处理间差异显著 ($P<0.01$)

2.2 根际土壤微生物群落碳源代谢多样性及其与 AM 真菌的相关关系

2.2.1 土壤根际微生物影响下的平均颜色变化率

土壤微生物群落代谢剖面 (AWCD) 变化, 可以从微生物功能代谢水平上来揭示微生物群落结构的多样性及其变化。BIOLOG 盘中每孔平均颜色变化率 (AWCD) 是反映土壤微生物群落代谢活性即土壤微生物利用单一碳源能力的重要指标^[15]。由图 1 可知, 培养 24 h 后各个地点的 AWCD 值都随着培养时间的延长而呈增加的趋势。96 h 时 AWCD 表现为: 惠农 > 西大滩 I > 西大滩 II > 红寺堡, 和红寺堡样点 96 h 相比, 惠农和西大滩 I 样点的 AWCD 分别提高了 131.80% 和 93.20%; 培养至 96 h 后, 各样点 AWCD 的增长逐步趋于平缓。统计分析表明, 惠农、西大滩 I 样点与红寺堡、西大滩 II 样点的土壤微生物群落代谢剖面的差异达到显著水平, 但惠农与西大滩 I、红寺堡与西大滩 II 样点间土壤微生物群落代谢剖面的差异不明显。

2.2.2 根际微生物碳源利用及其与 AM 真菌的相关关系

微生物对不同碳源的利用能力可以反映微生物代谢功能类群的差异^[16]。由表 4 可见, 各样点土壤微生物

物对碳源的优先利用种类和利用程度有显著差异。其中,红寺堡样点优势群落结构表现为:胺类化合物>氨基酸代谢类群>羧酸类代谢群;惠农优势群落为多聚化合物代谢群,西大滩 I 的优势群落为碳水化合物代谢群,各采样点间的优势种群存在着很大的差异。除西大滩 II 样点外,尽管不同样点土壤微生物碳代谢群落结构不同,但土壤微生物对芳香类代谢物的利用能力都较弱。对微生物利用的 31 种碳源组成的 6 类化合物进行主成分分析,累计贡献率为 72.6% 和 84.8% 的第一主成分和第二主成分的结果表明:多聚化合物、氨基酸、碳水化合物与排序轴一的位置比较近,说明主成分一与其关系比较密切,主成分二则主要受芳香化合物代谢群的影响。相关分析表明,孢子密度和微生物代谢群之间的关系因所处的环境不同而有所差别,西大滩 I 样点的孢子密度与碳水化合物代谢群呈显著正相关,与氨基酸代谢群落呈显著负相关,说明随 AM 真菌孢子密度增加,以碳水化合物为碳源的微生物群落增加,以氨基酸为碳源的微生物群落减少。惠农样点的孢子密度与多聚化合物代谢群呈显著正相关,与芳香化合物代谢群呈显著负相关,而红寺堡样点则呈现出与惠农样点相反的趋势。

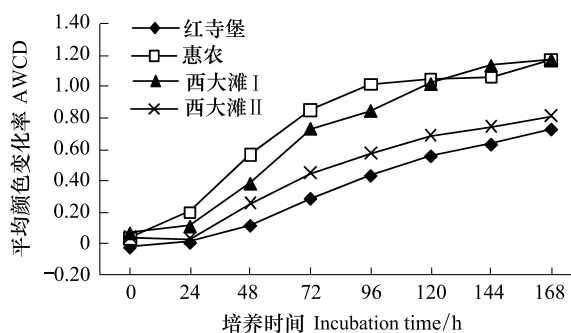


图 1 不同盐渍化土壤微生物群落颜色平均变化率

Fig. 1 The average color development rate of soil microbial community in the different salinization soil

表 4 不同地点微生物碳源代谢多样性分析(96h)

Table 4 Metabolic diversity analysis of microbial carbon sources of different sampling sites(96 h)

采样点 Sampling sites	羧酸类化合物 Carboxylic acid compounds	多聚化合物 Polymer compounds	碳水化合物 Carbohydrate compounds	芳香化合物 Aromatic compounds	氨基酸 Amino acid	胺类化合物 Amines compounds
红寺堡	0.41±0.10 B	0.34±0.25 B	0.37±0.23 B	0.13±0.11 B	0.51±0.17 B	1.19±0.20 A
惠农	1.11±0.07 B	1.62±0.45 A	0.95±0.25 B	0.09±0.09 C	1.08±0.07 B	0.65±0.22 B
西大滩 I	0.86±0.13 CB	1.71±0.36 A	2.01±0.11 A	0.44±0.31 C	1.19±0.21 B	0.94±0.04 CB
西大滩 II	1.02±0.32 A	0.26±0.04 BC	0.41±0.05 BAC	0.56±0.48 BAC	0.94±0.04 BA	0.01±0.04 C

同一行数据后不同字母表示处理间差异显著($P<0.01$)

2.3 土壤因子与 AM 真菌孢子密度、侵染率间的关系

由于 AM 真菌生活在土壤当中,其生长发育及生理功能必然直接间接受到土壤环境中各种因子的影响。土壤因子在影响 AM 真菌侵染率的过程中,彼此之间存在着相互制约或相互促进的复杂关系^[10]。选择根际土壤碱解氮(X_1)、全氮(X_2)、全磷(X_3)、pH 值(X_4)、全盐(X_5)、速效磷(X_6)、速效钾(X_7)、有机质(X_8) 8 个指标和孢子密度(Y_1)、菌根侵染率(Y_2) 2 个指标来建立土壤因子(V)和 AM 真菌(W)典型变量的线性组合。CCA 分析表明:第一典型变量相关系数为 0.993,其特征值为 67.11,累计贡献率为 80.53%,其它变量提供了 19.47%的信息,并且 $P=0.0268<0.05$,所以有统计学意义。第一对典型变量标准化后的线性组合为: $V_1 = -1.631X_1 - 1.332X_2 - 1.155X_3 - 0.125X_4 + 1.6175X_5 - 0.799X_6 - 1.7065X_7 + 2.6102X_8$, $W_1 = 0.9414Y_1 + 0.1408Y_2$ 。

第一组有机质和全盐的系数较大,即有机质和全盐的作用影响较大,第二组孢子密度的影响较大。所以,第一组变量中全盐和有机质的含量与第二组变量中孢子密度之间关系更密切,全盐和有机质含量较高的情况下孢子密度也较大。

冗余分析是一种直接梯度分析方法,能独立保持各个变量对环境的贡献率。可以看出,随排序轴从左往右有机质、全盐、全氮及碱解氮的含量逐渐升高,孢子密度也逐渐升高,4 个样点的分布比较分散,差异显著(图 2)。说明土壤类型及其理化性质是影响 AM 真菌侵染率、孢子密度和分布的重要生态因子。

2.4 土壤盐基离子对 AM 真菌的影响

图 3 中,AM 真菌孢子密度和菌根侵染率与土壤 HCO_3^- 的关系比较密切,呈正相关关系。其它离子与孢子密度和菌根侵染率均呈负相关关系, Na^+ 、 Mg^{2+} 和 Cl^- 对菌根侵染率的抑制效应更明显。惠农样点 AM 真菌菌根侵染率受 Na^+ 和 Cl^- 抑制的程度最大。

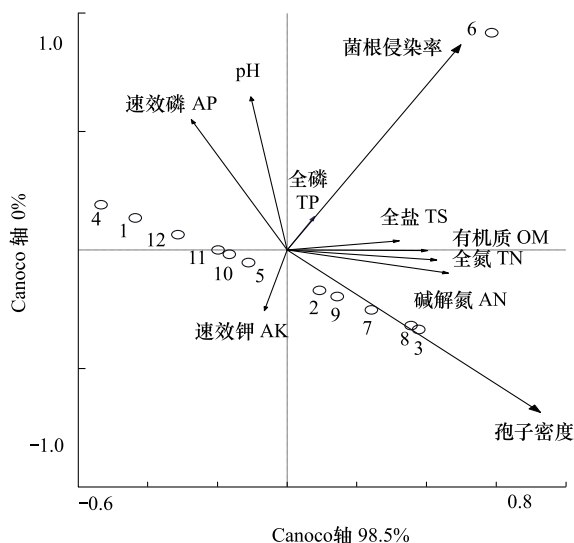


图 2 AM 真菌孢子密度、侵染率与土壤因子之间的冗余分析

Fig. 2 RDA analysis of AM fungal spore density, colonization rate and soil factors

圆圈代表不同土壤类型采样点,序号 1—3 代表红寺堡采样点的 3 重复;4—6 代表惠农采样点的 3 重复;7—9 代表西大滩 I 采样点的 3 重复;10—12 代表西大滩 II 采样点的 3 重复

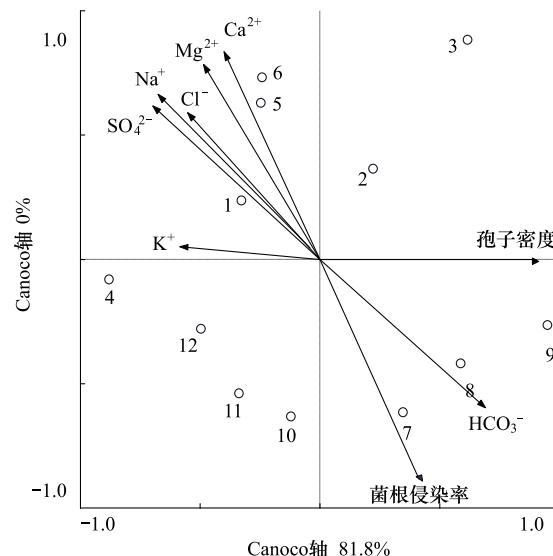


图 3 AM 真菌孢子密度、侵染率与盐基离子之间的冗余分析

Fig. 3 RDA analysis of AM fungal spore density, colonization rate and base ions

3 讨论

3.1 根际土壤微生物群落与 AM 真菌的关系

Fries L M 等认为 AM 真菌与植物共生关系的建立很大程度上取决于土壤中的酚酸类化合物,外源酚酸类化合物的应用,刺激了 AM 真菌种群数量的增加^[17]。研究发现(表 4),不同盐渍化土壤类型下,根际土壤微生物更容易受到多聚化合物、氨基酸、碳水化合物的影响。土壤微生物对碳源优先利用的种类和利用程度有明显差异,芳香类代谢群在三类盐渍化土壤中基本都属于弱代谢群。分析认为,这主要是由于盐渍化土壤类型存在差异,四个采样点土壤微生物类群对各自优先利用的碳源基质具选择性、碳源利用能力不同的缘故。此外,芳香族化合物复杂的分子结构可能也是导致微生物难以利用该种碳源的主要原因,这与张海涵等^[16]研究黄土高原典型林木的土壤最弱碳代谢群落也为芳香化合物代谢群的结论相一致。Marschner 等研究认为,菌根真菌通过影响植物的生长能进一步影响根际细菌群落结构^[18];菌根真菌可以通过利用一些分泌物来促进植物生长或通过改变植物根系的土壤物理结构及其根际化学成分来间接影响土壤微生物群落^[19-20]。图 1 中不同取样位置区的土壤微生物代谢群落功能多样性存在差别,表明盐渍化土壤根际微生物群落数量、结构组成及碳源利用能力的差异会对孢子密度大小产生影响,孢子密度和微生物代谢群之间的关系因所处的环境不同而有所差别(表 3),AM 真菌的变化可能和土壤环境条件及养分需求有密切的关系。

3.2 土壤因子与 AM 真菌孢子密度、侵染率间的关系

对菌根侵染率与土壤因子和植被组成之间的关系研究发现,AM 真菌对宿主的侵染主要与土壤因子有关。盛敏等研究了矿质营养、有机质、pH 值等对 AM 真菌的影响,发现不同地区侵染状况存在显著差异^[8]。AM 真菌种的丰度与土壤有机质和速效 N 含量呈显著负相关,各土壤因子对 AM 真菌种的丰度的直接效应均

不显著^[21]。贺学礼等研究宁夏沙坡头地区沙冬青 AM 真菌时空分布时认为,孢子密度与土壤有机质极显著正相关,在一定范围内,AM 真菌数量随有机质含量升高而增加^[22]。试验中各采样点土壤有机质、全盐、全氮、碱解氮对孢子密度影响较大,全磷、全盐、有机质对菌根侵染率有一定的影响,以红寺堡和西大滩 I 样点表现最明显(图 2)。通常,有机质高的土壤,对菌根发育会有不同程度的促进作用,但这种促进作用是有一定范围的^[9]。Aliasgharzadeh N 等认为土壤盐碱不仅没有显著降低 AM 真菌的孢子数量,反而会提高孢子数量,原因在于低的菌根侵染率下,AM 真菌能够生产更多的孢子,从而刺激孢子的形成^[3]。表 3 中,在盐碱土壤中,惠农样点高盐浓度下对应的孢子密度和侵染率明显比较低,这和前人的结论明显是矛盾的。分析认为由于盐分具有普遍的杀菌能力,会影响细胞内的稳定性,破坏细胞结构,导致细胞生理功能失调,从而影响菌株的正常生长,相应导致孢子密度和侵染率较低可能是主要原因。所以,土壤肥力水平的变化在一定程度上会影响孢子密度和菌根侵染率。土壤类型不同,受土壤因子的影响,其孢子密度和菌根侵染率也会有很大的差异,这种差异是由于 AM 真菌的生长发育受到微生物群落结构、土壤养分类型及土壤受干扰程度,改变了 AM 真菌的侵染、扩张、生长和发育所致。

3.3 土壤盐基离子对 AM 真菌的影响

目前,有关盐分对丛枝菌根真菌侵染率影响的研究报道并不一致。本试验研究表明 HCO_3^- 浓度一定程度上促进了 AM 真菌侵染率的提高,这可能由于 HCO_3^- 在土壤中以水解为主,易与阳离子形成强碱弱酸盐,从而增加土壤的碱性,影响土壤的 pH 值,但高盐度抑制了菌根侵染率。Kim 等报道盐碱土壤中的盐草属植物菌根侵染率和孢子数量与土壤中的 Na^+ 含量呈负相关关系^[23],这与惠农盐化灌淤土上的结果是一致的。但, Baker 等观察到当灌溉水中 NaCl 浓度达 0.3 mol/L 时完全抑制了菌根的侵染,而雅美紫菀(*Aster tripolium*)在灌溉水 NaCl 浓度达 0.3 mol/L 时依然有菌根侵染^[24]。这些相互矛盾的观察结果,不可能是由于寄主植物耐盐性的差异。所以 Perry J G 等的试验报道认为,AM 真菌的侵染不是因为适宜盐碱土的寄主植物缺乏,而主要是受土壤因子的限制,AM 真菌的耐盐性比盐生植物美国碱茅(*P. nuttalliana*)要低的多^[25]。Jarstfer 等认为 Ca^{2+} 对 AM 真菌孢子的形成与侵染有重要的作用^[26]; Agwa H E 也报道认为,菌根侵染率和土壤全盐、磷有显著负相关关系,主要是由于磷水平的增高,增强了植物根系纤维化程度,相应降低了 AM 真菌侵染的缘故;但其试验中主成分分析表明孢子密度与 Ca^{2+} 含量、磷含量、菌根侵染率和土壤有密切的相关关系,主要是因为盐胁迫条件下,土壤较高水平的 Ca^{2+} 有助于保持植物细胞的自动调节能力,从而促进了菌根的侵染^[27]。试验推断不同盐渍化土壤类型下,AM 真菌的生长发育受到微生物群落结构、土壤养分、主要盐基离子类型、浓度及土壤受干扰程度等因素的影响,土壤对 AM 真菌孢子密度、侵染率的影响因所处土壤类型不同而异。

References:

- [1] Abdel Latef A A. Changes of antioxidative enzymes in salinity tolerance among different wheat cultivars. Cereal Research Communications, 2010, 38(1): 43-55.
- [2] Zhu J J, Xu H, Xu M L, Kang H Z. Review on the ecological relationships between forest trees and ectomycorrhizal fungi. Chinese Journal of Ecology, 2003, 22(6): 70-76.
- [3] Aliasgharzadeh N, Rastin N S, Towfighi H, Alizadeh A. Occurrence of arbuscular mycorrhizal fungi in saline soils of the Tabriz plain of Iran in relation to some physical and chemical properties of soil. Mycorrhiza, 2001, 11(3): 119-122.
- [4] Liu R J, Liu P Q, Xu K, Lü Z F. Ecological distribution of arbuscular mycorrhizal fungi in saline alkaline soils of China. Chinese Journal of Applied Ecology, 1999, 10(6): 721-724.
- [5] Wang F Y, Liu R J. Arbuscular mycorrhizal fungi in saline-alkaline soils of yellow river delta. Mycosystema, 2002, 21(2): 196-202.
- [6] Hildebrandt U, Janetta K, Ouziad F, Renne B, Nawrath K, Bothe H. Arbuscular mycorrhizal colonization of halophytes in Central European salt marshes. Mycorrhiza, 2001, 10(4): 175-183.
- [7] He X L, Li Y P, Zhao L L, L X W. Dynamics of arbuscular mycorrhizal fungi and glomalin in the rhizosphere of *Artemisia ordosica* Krasch in Mu Us sandland, China. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(8): 1313-1319.
- [8] Sheng M, Tang M, Zhang F F, Huang Y H, Yang B W. Effect of soil factors on arbuscular mycorrhizal fungi in northwest saline alkaline soil. Acta Pedologica Sinica, 2008, 45(4): 758-763.
- [9] Liu X W, He X L. The spatio-temporal distribution of arbuscular mycorrhizal fungi of *Oxytropis aciphylla* rhizosphere in the area of Shapotou.

- Journal of Agricultural University of Hebei, 2008, 31(5): 52-56, 65-65.
- [10] Zhang H Q, Tang M, Zhang H H. Influences of soil factors on diversity and colonization of AM fungi in the rhizosphere of *C. korshinskii* and *H. rhamnoides*. *Acta Pedologica Sinica*, 2009, 46(4): 721-724.
- [11] Bedini S, Pellegrino E, Avio L, Pellegrini S, Bazzoffi P, Argese E, Giovannetti M. Changes in soil aggregation and glomalin-related soil protein content as affected by the arbuscular mycorrhizal fungal species *Glomus mosseae* and *Glomus intraradices*. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(7): 1491-1496.
- [12] Gong M Q, Chen Y L, Zhong C L. *Arbuscular Mycorrhizal Research and Application*. Beijing: China Forestry Press, 1997: 133-140.
- [13] Bao S D. *Analysis of Soil Characteristics*. Beijing: China Agriculture Press, 1999: 25-109.
- [14] Yao H Y, Hang C Y. *Soil Microbial Ecology and Experimental Technique*. Beijing: Science Press, 2006: 131-132, 166.
- [15] Teng Y, Hang C Y, Luo Y M, Long J, Yao H Y. Microbial activities and functional diversity of community in soils polluted with Pb-Zn-Ag mine tailings. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41(1): 113-119.
- [16] Zhang H H, Tang M, Chen H. Characterization of soil microbial community function and structure in rhizosphere of typical tree species and the meaning for environmental indication in the Loess plateau. *Environmental Science*, 2009, 30(8): 2432-2437.
- [17] Fries L L M, Pacovsky R S, Safir G R, Siqueira J O. Plant growth and arbuscular mycorrhizal fungal colonization affected by exogenously applied phenolic compounds. *Journal of Chemical Ecology*, 1997, 23(7): 1755-1767.
- [18] Marschner P, Timonen S. Interactions between plant species and mycorrhizal colonization on the bacterial community composition in the rhizosphere. *Applied Soil Ecology*, 2005, 28(1): 23-36.
- [19] Duchesne L C, Peterson R L, Ellis B E. The accumulation of plant-produced antimicrobial compounds in response to ectomycorrhizal fungi: a review. *Phytoprotection*, 1987, 68(1): 17-27.
- [20] Werner A, Zadworny M. In vitro evidence of mycoparasitism of the ectomycorrhizal fungus *Laccaria laccata* against *Mucor hiemalis* in the rhizosphere of *Pinus sylvestris*. *Mycorrhiza*, 2003, 13(1): 41-47.
- [21] Sheng M, Tang M, Zhang F F, Huang Y H. Effect of soil factors on arbuscular mycorrhizal fungi in saline alkaline soils of Gansu, Inner Mongolia and Ningxia. *Biodiversity Science*, 2011, 19(1): 85-92.
- [22] He X L, Liu X W, Li Y P. The spatio-temporal distribution of arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizosphere of *Ammopiptanthus mongolicus* from Shapotou. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(2): 370-376.
- [23] Kim C K, Weber D J. Distribution of VA mycorrhiza on halophytes on inland salt playas. *Plant and Soil*, 1985, 83(2): 207-214.
- [24] Baker A, Sprent J I, Wilson J. Effects of sodium chloride and mycorrhizal infection on the growth and nitrogen fixation of *Prosopis juliflora*. *Symbiosis*, 1995, 19(1): 39-51.
- [25] Johnson-Green P, Kenkel N C, Booth T. Soil salinity and arbuscular mycorrhizal colonization of *Puccinellia nuttalliana*. *Mycological Research*, 2001, 105(9): 1094-1110.
- [26] Jarstfer A G, Farmer-Koppenol P, Sylvia D M. Tissue magnesium and calcium affect arbuscular mycorrhiza development and fungal reproduction. *Mycorrhiza*, 1998, 7(5): 237-242.
- [27] Agwa H E, Al-Sodany Y M. Arbuscular-mycorrhizal fungi (*Glomales*) in Egypt. III: distribution and ecology in some plants in El-Omayed Biosphere Reserve. *Egyptian Journal of Biology*, 2003, 5: 19-26.

参考文献:

- [2] 朱教君, 徐慧, 许美玲, 康宏樟. 外生菌根菌与森林树木的相互关系. *生态学杂志*, 2003, 22(6): 70-76.
- [4] 刘润进, 刘鹏起, 徐坤, 吕志范. 中国盐碱土壤中 AM 菌的生态分布. *应用生态学报*, 1999, 10(6): 721-724.
- [5] 王发园, 刘润进. 黄河三角洲盐碱地的丛枝菌根真菌. *菌物系统*, 2002, 21(2): 196-202.
- [7] 贺学礼, 李英鹏, 赵丽莉, 刘雪伟. 毛乌素沙地克隆植物沙柳生长对 AM 真菌生态分布的影响. *生态学杂志*, 2010, 42(8): 1313-1319.
- [8] 盛敏, 唐明, 张峰峰, 黄艳辉, 杨保伟. 土壤因子对西北盐碱土中 VA 菌根真菌的影响. *土壤学报*, 2008, 45(4): 758-763.
- [9] 刘雪伟, 贺学礼. 沙坡头地区猫头刺 (*Oxytropis aciphylla*) 根际 AM 真菌时空分布研究. *河北农业大学学报*, 2008, 31(5): 52-56, 65-65.
- [10] 张好强, 唐明, 张海涵. 土壤因子对柠条和沙棘根际 AM 真菌多样性及侵染状况的影响. *土壤学报*, 2009, 46(4): 721-724.
- [12] 弓明钦, 陈应龙, 仲崇禄. *菌根研究及应用*. 北京: 中国林业出版社, 1997: 133-136.
- [13] 鲍士旦. *土壤农化分析*. 北京: 中国农业出版社, 1999: 25-109.
- [14] 姚槐应, 黄昌勇. *土壤微生物生态学及其实验技术*. 北京: 科学出版社, 2006: 131-132.
- [15] 滕应, 黄昌勇, 骆永明, 龙健, 姚槐应. 铅锌银尾矿区土壤微生物活性及其群落功能多样性研究. *土壤学报*, 2004, 41(1): 113-119.
- [16] 张海涵, 唐明, 陈辉. 黄土高原典型林木根际土壤微生物群落结构与功能特征及其环境指示意义. *环境科学*, 2009, 30(8): 2432-2437.
- [21] 盛敏, 唐明, 张峰峰, 黄艳辉. 土壤因子对甘肃、宁夏和内蒙古盐碱土中 AM 真菌的影响. *生物多样性*, 2011, 19(1): 85-92.
- [22] 贺学礼, 刘雪伟, 李英鹏. 沙坡头地区沙冬青 AM 真菌的时空分布. *生态学报*, 2010, 30(2): 370-376.

CONTENTS

Responses of sandy beach nematodes to oxygen deficiency: microcosm experiments	HUA Er, LI Jia, DONG Jie, et al (3975)
Allometric relationship between mean component biomass and density during the course of self-thinning for <i>Fagopyrum esculentum</i> populations	LI Lei, ZHOU Daowei, SHENG Lianxi (3987)
Automatic site selection of sight-seeing route in ecotourism destinations based on landscape perception sensitivity	LI Jifeng, LI Renjie (3998)
Emergy evaluation for sustainability of Biogas-linked agriculture ecosystem: a case study of Gongcheng county	YANG Jin, CHEN Bin, LIU Gengyuan (4007)
Spatial heterogeneity of vegetation coverage and its temporal dynamics in desert steppe, Inner Mongolia	YAN Liang, ZHOU Guangsheng, ZHANG Feng, et al (4017)
Soil conservation value flow processes of two typical grasslands	PEI Sha, XIE Gadi, LI Shimei, et al (4025)
Spatial distribution of carbon storage in a 13-year-old <i>Pinus massoniana</i> forest ecosystem in Changsha City, China	WU Tao, PENG Chonghua, TIAN Dalun, et al (4034)
Colonization rate and diversity of AM fungi in the rhizosphere of seven medicinal plants in Xiamen	JIANG Pan, WANG Mingyuan (4043)
Effects of Cd, Low Concentration Pb/Cd on the contents of phenolic acid and simple glucides exuding from winter wheat seedlings root and the relationship between them and rhizosphere soil microbial activity	JIA Xia, DONG Suiming, ZHOU Chunjuan (4052)
The community structure of laccase-like multicopper oxidase-producing bacteria in soil of Liangshui Nature Reserve	ZHAO Dan, GU Huiqi, CUI Daizong, et al (4062)
Effects of soil rhizosphere microbial community and soil factors on arbuscular mycorrhizal fungi in different salinized soils	LU Xinping, DU Qian, YAN Yongli, et al (4071)
The effects of inoculation with phosphate solubilizing bacteria <i>Bacillus megaterium</i> C4 in the AM fungal hyphosphere on soil organic phosphorus mineralization and plant uptake	ZHANG Lin, DING Xiaodong, WANG Fei, et al (4079)
Soil carbon, nitrogen and phosphorus ecological stoichiometry of <i>Phragmites australis</i> wetlands in different reaches in Minjiang River estuary	WANG Weiqi, WANG Chun, ZENG Congsheng, et al (4087)
Dynamics of soil microbial biomass during early fine roots decomposition of three species in alpine region	WU Zhichao, WU Fuzhong, YANG Wanqin, et al (4094)
Effects of simulated precipitation on apparent carbon flux of biologically crusted soils in the Gurbantunggut Desert in Xinjiang, Northwestern China	WU Lin, SU Yangui, ZHANG Yuanming (4103)
Changes in photosynthetic properties, ultrastructure and root vigor of <i>Dendrobium candidum</i> tissue culture seedlings during transplantation	PU Xiaozhen, YIN Chunying, ZHOU Xiaobo, et al (4114)
Analysis of dry matter accumulation and translocation for winter wheat cultivars with different yields on dryland	ZHOU Ling, WANG Zhaohui, LI Fucui, et al (4123)
Impact evaluation of low temperature to yields of maize in Northeast China based on crop growth model	ZHANG Jianping, WANG Chunyi, ZHAO Yanxia, et al (4132)
Spatiotemporal variations in the reference crop evapotranspiration on the Loess Plateau during 1961—2009	LI Zhi (4139)
Eco-physiological responses of <i>Phragmites australis</i> to different water-salt conditions in Momoge Wetland	DENG Chunnuan, ZHANG Guangxin, LI Hongyan, et al (4146)
Comparative study of different earthworm sampling methods	FAN Ruqin, ZHANG Xiaoping, LIANG Aizhen, et al (4154)
Geographic variation in longevity and fecundity of the Asian corn borer, <i>Ostrinia furnacalis</i> Guenée (Lepidoptera: Crambidae)	TU Xiaoyun, CHEN Yuansheng, XIA Qinwen, et al (4160)
Analysis on grasshopper spatial heterogeneity and pattern of natural grass in upper reaches of Heihe	ZHAO Chengzhang, LI Lili, WANG Dawei, et al (4166)
Inhibition effects of ethyl acetate extracts of <i>Momordica charantia</i> leaves on the experimental population of <i>Spodoptera litura</i>	LOU Ying, LING Bing, XIE Jiefeng, et al (4173)
Feeding habits of <i>Lateolabrax maculatus</i> in Yangtze River estuary	HONG Qiaoqiao, ZHUANG Ping, YANG Gang, et al (4181)
Genetic structure of <i>Gymnodontichus pachycheilus</i> from the upper reaches of the Yellow River as inferred from mtDNA control region	SU Junhu, ZHANG Yanping, LOU Zhongyu, et al (4191)
Toxicity mechanism of Cadmium-induced reactive oxygen species and protein oxidation in testes of the frog <i>Rana nigromaculata</i>	CAO Hui, SHI Cailei, JIA Xiuying (4199)
The diversity of scarab beetles in grassland cattle dung from North China	FAN Sanlong, FANG Hong, GAO Chuanbu, et al (4207)
Spatial relationships among <i>Empoasca vitis</i> (Gothé) and <i>Toxoptera aurantii</i> (Boyer) and natural enemies in tea gardens of autumn-winter season in Hefei suburban	YANG Lin, GUO Hua, BI Shoudong, et al (4215)
Effects of vegetation, elevation and human disturbance on the distribution of large- and medium-sized wildlife: a case study in Jiuzhaigou Nature Reserve	ZHANG Yue, LEI Kaiming, ZHANG Yuke, et al (4228)
Research of typical EIPs based on the social network analysis	YANG Lihua, TONG Lianjun (4236)
Exergy-based life cycle accounting of household biogas system: a case study of Gongcheng, Guangxi	QI Jing, CHEN Bin, DAI Jing, et al (4246)
Review and Monograph	
The effects of changes in hydrological regimes and salinity on wetland vegetation: a review	ZHANG Guangxin (4254)
Advances in research on the seed bank of a saline-alkali meadow in the Songnen Plain	MA Hongyuan, LIANG Zhengwei, LÜ Bingsheng, et al (4261)
A new landscape expansion index: definition and quantification	WU Pengfei, ZHOU Demin, GONG Huili (4270)
Scientific Note	
Response of photosynthetic characteristics of <i>Psathyrostachys huashanica</i> Keng to drought stress	LI Qian, WANG Ming, WANG Wenwen, et al (4278)
The antifouling activities of <i>Callyspongia</i> sponge extracts	CAO Wenhao, YAN Tao, LIU Yonghong, et al (4285)

《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 13 期 (2012 年 7 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 13 (July, 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@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