

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第 32 卷 第 14 期 Vol.32 No.14 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 (SHENTAI XUEBAO)

第32卷 第14期 2012年7月 (半月刊)

目 次

海滨沙地砂引草对沙埋的生长和生理适应对策	王进,周瑞莲,赵哈林,等 (4291)
外源 K ⁺ 和水杨酸在缓解融雪剂对油松幼苗生长抑制中的效应与机理	张营,李法云,严霞,等 (4300)
钱塘江中游流域不同空间尺度环境因子对底栖动物群落的影响	张勇,刘朔孺,于海燕,等 (4309)
贡嘎山东坡非飞行小型兽类物种多样性的垂直分布格局	吴永杰,杨奇森,夏霖,等 (4318)
基于斑块的红树林空间演变机理分析方法	李春干,刘素青,范航清,等 (4329)
亚热带六种天然林树种细根养分异质性	熊德成,黄锦学,杨智杰,等 (4343)
浙江省植被 NDVI 动态及其对气候的响应	何月,樊高峰,张小伟,等 (4352)
亚热带 6 种天然林树种细根呼吸异质性	郑金兴,熊德成,黄锦学,等 (4363)
亚高山/高山森林土壤有机层氨氧化细菌和氨氧化古菌丰度特征	王奥,吴福忠,何振华,等 (4371)
耕作方式对紫色水稻土轻组有机碳的影响	张军科,江长胜,郝庆菊,等 (4379)
火烧对长期封育草地土壤碳固持效应的影响	何念鹏,韩兴国,于贵瑞,等 (4388)
闽江河口潮汐湿地二氧化碳和甲烷排放化学计量比	王维奇,曾从盛,全川,等 (4396)
2010 年夏季珠江口海域颗粒有机碳的分布特征及其来源	刘庆霞,黄小平,张霞,等 (4403)
新疆冷泉沉积物葡萄糖利用细菌群落多样性的稳定同位素标记分析	楚敏,王芸,曾军,等 (4413)
土壤微生物群落多样性解析法:从培养到非培养	刘国华,叶正芳,吴为中 (4421)
伊洛河河岸带生态系统草本植物功能群划分	郭屹立,卢训令,丁圣彦 (4434)
濒危植物蒙古扁桃不同地理种群遗传多样性的 ISSR 分析	张杰,王佳,李浩宇,等 (4443)
强潮区较高纬度移植红树植物秋茄的生理生态特性	郑春芳,仇建标,刘伟成,等 (4453)
冬季高温对白三叶越冬和适应春季“倒春寒”的影响	周瑞莲,赵梅,王进,等 (4462)
中亚热带细柄阿丁枫和米槠群落细根的生产和死亡动态	黄锦学,凌华,杨智杰,等 (4472)
欧美杨水分利用效率相关基因 PdEPF1 的克隆及表达	郭鹏,金华,尹伟伦,等 (4481)
再力花地下部水浸提液对几种水生植物幼苗的化感作用	缪丽华,王媛,高岩,等 (4488)
无致病力青枯雷尔氏菌对烟草根系土壤微生物脂肪酸生态学特性的影响	郑雪芳,刘波,蓝江林,等 (4496)
基于更新和同化策略相结合的遥感信息与水稻生长模型耦合技术的研究	王航,朱艳,马孟莉,等 (4505)
温度和体重对克氏双锯鱼仔鱼代谢率的影响	叶乐,杨圣云,刘敏,等 (4516)
夏季西南印度洋叶绿素 a 分布特征	洪丽莎,王春生,周亚东,等 (4525)
大沽排污河生态修复河道水质综合评价及生物毒性影响	王敏,唐景春,朱文英,等 (4535)
李肖叶甲成虫数量及三维空间格局动态	汪文俊,林雪飞,邹运鼎,等 (4544)
专论与综述	
基于景观格局的城市热岛研究进展	陈爱莲,孙然好,陈利顶 (4553)
沉积物质量评价“三元法”及其在近海中的应用	吴斌,宋金明,李学刚,等 (4566)
问题讨论	
中国餐厨垃圾处理的现状、问题和对策	胡新军,张敏,余俊锋,等 (4575)
研究简报	
稻秸蓝藻混合厌氧发酵沼液及其化学物质对尖孢镰刀菌西瓜专化型生长的影响	刘爱民,徐双锁,蔡欣,等 (4585)
佛山市农田生态系统的生态损益	叶延琼,章家恩,秦钟,等 (4593)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 314 * zh * P * ￥70.00 * 1510 * 33 * 2012-07



封面图说: 噶龙山南坡的高山湖泊——喜马拉雅山南坡的噶龙山光照强烈、雨量充沛,尽管是海拔 4500 多米的高寒地区,山上的草甸依然泛着诱人的翠绿色,冰川和雪山的融水汇集在山梁的低洼处形成了一个又一个的高山湖泊,由于基底的差别和水深的不一样,使得纯净清澈的冰雪融水在湖里呈现出不同的颜色,湖面或兰或绿、颜色或深或浅,犹如一块块通体透明的翡翠镶嵌在绿色的绒布之中。兰下面,白云落在山间,通往墨脱的公路像丝带一样随随便便地缠绕着,一幅美丽的自然生态画卷就这样呈现在你的面前。

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

DOI: 10.5846/stxb201107141045

郑雪芳, 刘波, 蓝江林, 朱育菁, 车建美, 苏明星. 无致病力青枯雷尔氏菌对烟草根系土壤微生物脂肪酸生态学特性的影响. 生态学报, 2012, 32(14): 4496-4504.

Zheng X F, Liu B, Lan J L, Zhu Y J, Che J M, Su M X. Effect of the avirulent strain of *Ralstonia solanacearum* on the ecological characteristics of microorganism fatty acids in the rhizosphere of tobacco. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(14): 4496-4504.

无致病力青枯雷尔氏菌对烟草根系土壤 微生物脂肪酸生态学特性的影响

郑雪芳, 刘波*, 蓝江林, 朱育菁, 车建美, 苏明星

(福建省农业科学院农业生物资源研究所, 福州 350003)

摘要:为了探讨无致病力青枯雷尔氏菌对烟草根系土壤微生物群落结构的影响,测定了接种无致病力青枯雷尔氏菌 RS-1403 和清水对照的烟草根系土壤的磷脂脂肪酸(Phospholipid Fatty Acids, PLFAs),比较分析两种处理下的烟草根系土壤微生物 PLFAs 组成、含量、微生物群落结构及多样性的差异,以期从微生物群落水平解析 RS-1403 菌株胁迫对烟草青枯病的免疫抗病机制。结果表明,与对照相比,RS-1403 菌株胁迫下烟草根系土壤微生物 PLFAs 的组成及含量发生了变化,分为 5 种变化类型,分别为下降型、无变化型、增加 50% 以下类型、增加 50%—100% 类型,增加 100% 以上类型,其中指示放线菌的 10Me16·0 含量降低,为下降型,增加 100% 以上的 PLFAs 均指示革兰氏阴性菌。进一步分析表明,接种 RS-1403 菌株能改变烟草根系土壤微生物群落结构,促进细菌和真菌的生长,抑制放线菌的生长。接种 RS-1403 菌株能提高烟草根系土壤的群落优势度 Simpson 指数、群落丰富度 Shannon 指数和均匀度 Pielou 指数,增加土壤的微生物群落多样性。对 RS-1403 菌株胁迫下烟草根系土壤微生物亚群落分化的比较分析,显示 RS-1403 菌株处理组与对照组亚群落分化不同,当兰氏距离为 2.56 时,可将处理组和对照组均分为 4 个亚群落,但它们的各亚群落组成及特征不同。聚类分析表明,基本上可将取样期内的 RS-1403 菌株胁迫处理和清水对照的烟草根系土壤分别聚在两个不同的类群中,说明 RS-1403 菌株能明显改变烟草根系土壤微生物群落结构。

关键词:无致病力青枯雷尔氏菌; 根系; 土壤微生物; 磷脂脂肪酸

Effect of the avirulent strain of *Ralstonia solanacearum* on the ecological characteristics of microorganism fatty acids in the rhizosphere of tobacco

ZHENG Xuefang, LIU Bo*, LAN Jianlin, ZHU Yujing, CHE Jianmei, SU Mingxing

Agricultural Bio-Resources Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003, China

Abstract: The present paper dealt with the effect of the avirulent strain RS-1403 of *Ralstonia solanacearum* on the ecological characteristics of microorganism fatty acids in the rhizosphere of tobacco. The tobacco plants were treated with the avirulent strain RS-1403 in the concentration of 1.0×10^6 cfu/mL with water as control in the semi experiments. The rhizosphere soil was sampled at different days etc. 5d, 10d, 15d, 20d and 25d after treatment. The phospholipid fatty acids (PLFAs) of the soil samples were detected by GC of Agilent6890N. Pattern, content and structure of the microbial PLFAs in tobacco rhizosphere soil were evaluated and the difference between treatment and water control were compared to analyze the immune disease-resistant mechanism of the strain RS-1403 against tobacco bacterial wilt disease at the microbial community level. The results showed that the microbial PLFAs pattern and content in the tobacco rhizosphere soil were changed under the stress of the avirulent strain RS-1403. The fluctuation of microbial PLFAs could be divided five types,

基金项目:国家自然科学基金(30871667);国家“863”计划项目(2012AA101504);福建省自然科学基金项目(2009J01087);福建省财政专项-福建省农业科学院科技创新团队建设基金(STIF-Y03);国家星火项目(S2011C410006)

收稿日期:2011-07-14; **修订日期:**2012-05-20

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

e.g. declining type, unchanging type, <50% increasing type, 50%—100% increasing type, and >100% increasing type. Among which, the reduction of 10Me16:0 indicative to actinomycetes represented the decreasing type, all of the PLFAs in >100% increasing type indicated to G⁻ bacteria. The statistical analysis showed that the inoculation of RS-1403 could change the microbial community structure in the tobacco rhizosphere soil due to improving the growth of bacteria and fungi and inhibiting the reproduction of actinomycetes. Inoculation of the stain RS-1403 could increase the microbial community diversity in the soil, in which, the enhancement of SHANNON index of community dominance, Simpson index of community abundance and Pielou index of uniformity was revealed. The differentiation of microbial sub-community in the tobacco rhizosphere soil under the stress of the strain RS-1403 was also evaluated with cluster analysis. The results displayed the significant difference existed between RS-1403 treatment and water control. The rhizosphere soil microbe both in treatment and control could be divided into four sub-communities at 2.56 Lance-distance, which were different in the constitutes and characters of PLFAs. The tobacco rhizosphere soils in the RS-1403 threatening treatment and water control could be mainly clustered in to two different groups by using cluster analysis, it was clear that the RS-1403 could alter remarkably microbial community structure in the rhizosphere soil of tobacco.

Key Words: avirulent strain of *Ralstonia solanacearum*; root system; soil microorganisms; phospholipid fatty acid (PLFAs)

烟草青枯病是烟草上一大毁灭性土传病害,致病菌为青枯雷尔氏菌(*Ralstonia solanacearum*)^[1]。自1880年有报道以来该病在世界上分布极为广泛,在我国南方烟区普遍发生,其中广东、福建、浙江、湖南、贵州、四川等省发生较为严重^[2]。目前对植物青枯病的防治尚未有理想的药剂^[3-4],由于烟草青枯病原菌为兼性寄生,品种抗性利用难度很大^[5-6],使得该病害的防治一直是一大难题。

无致病力青枯雷尔氏菌在植物青枯病防治中具有重要的生防应用潜力^[7]。它利用生物诱导抗性的原理,在植株苗期接种病原弱株系,经过侵入、定殖,在植株体内形成营养和位点竞争^[8],构建植株体内微生态平衡,诱导植株产生抗病能力,从而阻碍病原菌的蔓延,形成植物疫苗的作用,抑制病害发生。作者经多年研究获得一株性状稳定无致病力青枯雷尔氏菌(plant vaccin avirulent strain RS-1403),对番茄、茄子、烟草等茄科作物的盆栽苗试验防效均达70%以上,具有较好应用潜力。虽然国内外许多研究已证明利用病原菌无致病力菌株进行生物防治,在植物病害防治方面具有很好的作用效果^[7,9-10],但是,对这种作用效果的机理了解甚少。青枯病发生与植株根系土壤微生物群落结构关系密切^[11],作者试图利用无致病力青枯雷尔氏菌浇灌烟草根系防治青枯病,从胁迫后的烟草根系土壤微生物脂肪酸生态学特性的变化,来分析其对烟草根系土壤微生物群落结构影响,解释其作用机理,相关的研究未见报道。

对土壤微生物群落多样性的研究通常采用传统培养物进行培养和分离,传统培养分离的微生物只占总数的0.1%—10%,不能全面反映土壤微生物多样性信息。磷脂脂肪酸(Phospholipid Fatty Acids, PLFAs)图谱分析是近几年来发展的研究土壤微生物群落结构的一种新方法,它可定量分析微生物群落的生物量和群落结构,该方法在土壤的微生物群落组成和种群变化方面研究得到越来越广泛的应用^[12-14],用于揭示植被、植物栽培及土地管理方式、有机污染物、重金属、季节变化、气候条件及其它方面等诸多因素对土壤微生物群落结构和生物量的影响。

本研究通过对烟草接种无致病力青枯雷尔氏菌,分析其在烟草根系土壤和植株体内的定殖特性,取得了理想的烟草青枯病防病效果,引入磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记分析青枯雷尔氏菌无致病力菌株胁迫对烟草根系土壤微生物群落结构的影响,从生态学角度揭示青枯雷尔氏菌无致病力菌株对烟草植株产生免疫抗性的机理,为青枯疫苗的研发提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

烟草植株盆栽苗品种为“红丹”,生长期为5—6叶期。供试菌株为GFP标记的青枯雷尔氏菌无致病力菌

株 1403:gfp/lux(以下简称 RS-1403 菌株),该菌株为本实验室从番茄植株分离得到的无致病力菌株,经鉴定为青枯雷尔氏菌(雷尔氏属),革兰氏染色阴性,对该菌株进行 *gfp* 基因标记,以便于对其在烟草植株内的定殖进行实时监测,确保在烟草植株内的接种成功,整个实验在人工气候室内盆栽进行,实验后土壤经过高温灭菌处理,以防转 *gfp* 基因菌株的外泄。

1.2 试验方法

1.2.1 青枯雷尔氏菌 RS-1403 肋迫接种烟草植株和取样方法

采用盆栽试验,使用直径 15 cm、高 10 cm 的塑料盆,每盆装营养土 3 kg(购自厦门市银农种苗有限公司),每盆移栽 1 株烟草苗(尽量选择长势一致的苗),当烟草植株生长至 5—6 叶期,将发酵培养的 RS-1403 菌液稀释浓度至 1.0×10^6 cfu/mL,采用灌根接种法,每盆烟草植株接种 50 mL,每个处理 50 盆重复,设清水对照处理 50 盆。在接种后第 5、10、15、20 和 25 天取样。取样方法:随机选取 10 盆的无致病力青枯雷尔氏菌处理组和 10 盆的对照处理组,收集离表层土约 5 cm 的烟草植株根系土壤,每盆植株约收集 10 g 小样,再将处理组和对照组各小样混合、拌匀、去砂砾和植物残体,经晾干后碾碎,过 40 目筛,4 °C 冰箱保存备用。

1.2.2 磷脂脂肪酸生物标记分析方法

采用磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记法进行土壤微生物群落结构分析。磷脂脂肪酸的提取过程和分析参考 Frostegård 等和 Kourtev 等方法^[15-16]并略作修改。提取过程分 4 个步骤:脂肪酸的释放与甲酯化、溶液的中和、脂肪酸的萃取、脂肪酸溶解。PLFAs 成份测定采用美国 Agilent6890N 型气相色谱仪,包括全自动进样装置、石英毛细管柱及氢火焰离子化检测器。PLFAs 成份分析采用美国 MIDI 公司(MIDI, Newark, Delaware, USA)开发的基于细菌细胞脂肪酸成分鉴定的 Sherlock MIS 4.5 系统(Sherlock Microbial Identification System),系统根据各组分保留时间计算等链长(ECL)值以确定目标组分的存在,采用峰面积归一化法计算各组分的相对含量。磷脂脂肪酸分子式以“*A*:*B* ω *C*(c/t)示,其中“*A*”代表脂肪酸分子的 C 原子总数,“*B*”代表不饱和烯键的数目,“ ω ”代表烯键距离羧基的位置,“*C*”为烯键或环丙烷链的位置,后缀“*c*”和“*t*”分别代表顺式和反式同分异构体。

1.2.3 数据分析

(1) 土壤微生物种类的磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记的识别。Bardgett 等^[17]认为土壤中磷脂脂肪酸的组成可以表示土壤微生物群落的生物量和结构。由于磷脂脂肪酸存在于所有活体细胞膜中且随菌体死亡而迅速降解,与微生物量之间具有高度相关性,因此可以很好地标识微生物的生物量。其中,18:1 ω 9c、18:2 ω 9,12、18:2 ω 6,9c 等多烯脂肪酸为真核生物所独有^[18],其总和可指示真菌生物量;而一些含有以酯链与甘油相连的饱和或单不饱和脂肪酸如 i15:0、a15:0、16:0、i16:0 等的总和可代表细菌总脂肪酸,指示土壤细菌总量^[19];指示放线菌的脂肪酸种类有 10Me16:0、10Me17:0 和 10Me18:0^[20]。

$$\text{微生物总量} = \Sigma \text{磷脂脂肪酸标记 PLFAs}$$

$$\text{细菌总量} = \Sigma (12:0 + 14:0 + 15:0 + a15:0 + i15:0 + i16:0 + i17:0 + a16:0 + 16:1\omega 5c + i17:1\omega 9c + a17:0 + 17:1\omega 8c + cy17:0 + 17:0 + 18:1\omega 7c + 18:0 + cy19:0\omega 8c)$$

$$\text{真菌总量} = 18:1\omega 9c$$

$$\text{放线菌总量} = 10Me16:0$$

(2) 微生物群落多样性指数分析:引入群落生态学丰富度指数 Shannon-Wiener、优势度指数 Simpson 和均匀度指数 Pielou,分析不同处理烟草根系土壤微生物群落的多样性。按照计算物种指数方法^[21]计算各指数值:

$$\text{Shannon-Wiener 指数 } H = -\sum P_i \ln P_i$$

$$\text{Simpson 指数 } C = 1 - \sum (n_i/N)^2$$

$$\text{Pielou 指数 } e = H/\ln S$$

式中, S 为群落中的脂肪酸总种类数, $P_i = n_i/N$, n_i 为 i 类脂肪酸个数, N 为该试验中总脂肪酸个数。

(3)聚类分析

1)采用 DPS 软件,以磷脂脂肪酸生物标记为样本,以其在不同处理、不同时间分布数量为指标,构建矩阵,以兰氏距离为聚类尺度,用类平均法进行系统聚类,分析无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物亚群落的分化;

2)采用 DPS 软件,以供试样品为样本,以每种 PLFAs 在供试样品的分布量为指标,进行单因子方差分析,构建矩阵,以马氏距离为聚类尺度,用类平均法进行系统聚类,分析无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物群落时间动态。

2 结果分析

2.1 无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物 PLFAs 测定

试验结果见表 1。从无致病力青枯雷尔氏菌 RS-1403 处理的第 5、10、15、20 和 25 天的烟草根系土壤,分别检测到 16、19、20、16 和 16 种 PLFAs,从对照处理的第 5、10、15、20 和 25 天的烟草根系土壤,分别检测到 14、12、17、12 和 19 种 PLFAs。其中,包含各种饱和的磷脂脂肪酸,如 14:0、15:0、16:0 等;不饱和的磷脂脂肪酸,如 18:1 ω 9c、17:1 ω 8c、16:1 ω 5c 等;分支的磷脂脂肪酸,如 a15:0、a16:0、i16:0 等;环化脂肪酸,如 cy17:0 和 cy19:0 ω 8c,说明烟草根系土壤微生物群落 PLFAs 种类丰富。

表 1 菌株 RS-1403 处理后烟草根系土壤 PLFAs 类型和含量(nmol/g)

Table 1 Types and concentrations of PLFAs of tobacco root soil under avirulent strain RS-1403 treatment and contrast treatment

生物标记 Biomarkers	处理组 Treatment group					对照组 Control group								
	TR5d	TR10d	TR15d	TR20d	TR25d	均值 Mean	标准差 SD	CK5d	CK10d	CK15d	CK20d	CK25d	均值 Mean	标准差 SD
12:0	0.42	0.33	0.00	0.23	0.00	0.20	0.19	0.27	0.21	0.22	0.27	0.00	0.19	0.11
14:0	0.45	0.39	0.31	0.32	0.28	0.35	0.07	0.36	0.41	0.47	0.36	0.51	0.42	0.07
i15:0	1.31	1.29	1.51	1.08	1.17	1.27	0.16	1.00	1.54	1.49	0.92	1.46	1.28	0.30
a15:0	1.33	0.98	1.35	0.94	0.68	1.06	0.28	0.64	1.23	1.12	0.91	0.90	0.96	0.23
15:0	0.00	0.12	0.48	0.00	0.00	0.12	0.21	0.00	0.00	0.00	0.00	0.34	0.07	0.15
i16:0	0.93	0.90	1.08	0.69	0.94	0.91	0.14	0.60	0.79	0.94	0.65	0.93	0.78	0.16
a16:0	0.59	0.35	0.33	0.41	0.00	0.34	0.21	0.00	0.48	0.29	0.53	0.33	0.33	0.21
16:1 ω 5c	0.55	0.56	0.60	0.48	0.71	0.58	0.08	0.00	0.75	0.76	0.44	1.31	0.65	0.48
16:0	6.21	5.10	9.24	4.33	7.05	6.39	1.90	8.09	6.69	6.25	4.00	7.60	6.53	1.59
10Me 16:0	0.55	0.77	0.00	0.52	0.72	0.51	0.31	0.95	0.78	0.91	0.65	0.79	0.82	0.12
i17:1 ω 9c	0.00	0.00	1.12	0.00	0.00	0.22	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
i17:0	0.58	0.54	0.76	0.47	0.79	0.63	0.14	0.39	0.60	0.64	0.44	0.70	0.55	0.13
a17:0	0.74	0.52	1.14	0.62	0.43	0.69	0.28	0.37	0.67	0.56	0.70	0.59	0.58	0.13
17:1 ω 8c	0.00	0.00	0.49	0.00	0.00	0.10	0.22	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
cy17:0	0.53	0.43	0.99	0.43	0.60	0.60	0.23	0.33	0.00	0.45	0.00	0.21	0.20	0.20
17:0	0.00	0.00	0.70	0.00	0.00	0.14	0.31	0.00	0.00	0.00	0.00	0.18	0.04	0.08
18:1 ω 9c	2.88	2.04	3.39	1.56	2.18	2.41	0.72	1.92	2.24	2.47	1.55	1.16	1.87	0.53
18:1 ω 7c	2.06	1.60	8.20	1.20	2.22	3.06	2.90	1.37	0.00	1.92	0.00	1.91	1.04	0.98
18:0	1.82	1.20	2.14	1.09	1.99	1.65	0.47	1.13	0.00	1.43	0.00	1.93	0.90	0.87
cy19:0 ω 8c	1.56	1.47	1.68	1.37	1.97	1.61	0.23	0.94	0.00	1.40	0.00	1.67	0.80	0.78
20:4 ω 6,9,12,15c	0.00	0.54	0.86	0.00	0.36	0.35	0.37	0.00	0.00	0.41	0.00	0.62	0.21	0.29
20:0	0.00	0.46	0.64	0.00	0.47	0.31	0.30	0.00	0.00	0.00	0.00	0.58	0.12	0.26

TR5d、TR10d、TR15d、TR20d、TR25d 分别表示菌株 RS-1403 处理的第 5、10、15、20 和 25 天的烟草根系土壤;CK5d、CK10d、CK15d、CK20d、CK25d 分别表示清水对照组的第 5、10、15、20 和 25 天的烟草根系土壤;SD 指标准差

2.2 无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物 PLFAs 组成及含量变化

统计处理组和对照组烟草根系土壤在取样期内各微生物 PLFAs 平均含量,计算菌株 RS-1403 胁迫处理

后烟草根系土壤各类微生物 PLFAs 平均含量增加或降低百分比，并作图，结果见图 1。与对照组(CK)相比，菌株 RS-1403 处理后，可将脂肪酸生物标记的变化分为 5 类，第 1 类为下降型，包括了 10Me16:0、14:00 和 16:1ω5c 3 种生物标记，这些标记中 10Me16:0 指示放线菌，14:00 和 16:1ω5c 指示细菌；第 2 类为无变化型，包括了脂肪酸生物标记 16:00、i15:0、12:00 和 a16:0，均指示细菌；第 3 类为一般增加型(增加 50% 以下)，包括了 a15:0、i17:0、i16:0、a17:0 和 18:1ω9c 5 种生物标记，这些标记除了 18:1ω9c 指示真菌外，其余 4 种脂肪酸生物标记指示革兰氏阳性菌；第 4 类为中等增加型(增加 50%—100%)，包括了脂肪酸生物标记 20:4ω6,9,12,15c 指示原生动物，脂肪酸生物标记 15:00 和 18:00 指示细菌；第 5 类为显著增加型(增加 100% 以上)，包括了 cy19:0ω8c、20:00、18:1ω7c、cy17:0 和 17:00 5 种脂肪酸生物标记，这些标记均指示革兰氏阴性菌。无致病青枯雷尔氏菌处理的根系土壤中，脂肪酸生物标记量最高的前 5 种为 16:00、18:1ω9c、18:1ω7c、18:00 和 cy19:0ω8c，占总脂肪酸含量的 64.03%，且大都为革兰氏阴性菌；对照处理的烟草根系土壤中，PLFAs 含量处于前 5 位的分别是 16:00、18:1ω9c、18:1ω7c、i15:0 和 a15:0，占总脂肪酸含量的 63.67%，且大都为革兰氏阳性菌。

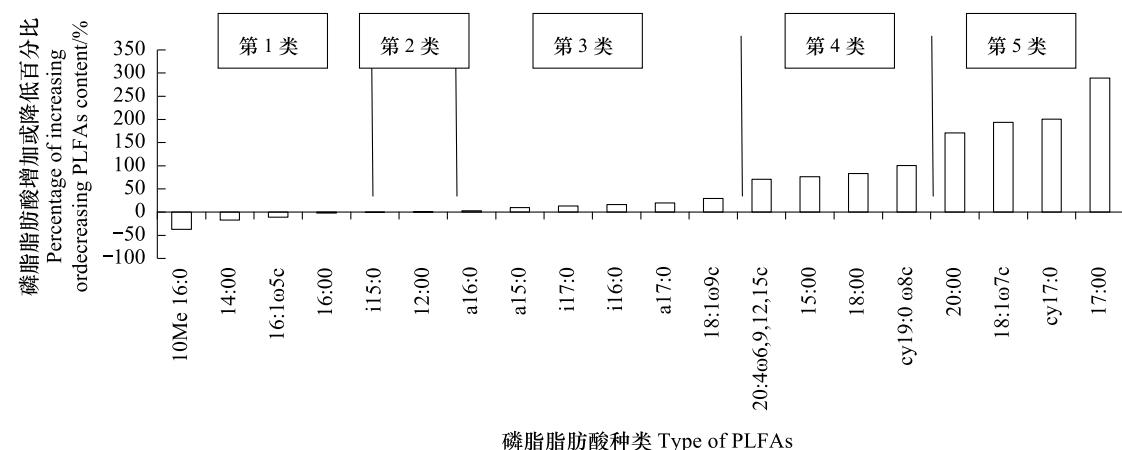


图 1 菌株 RS-1403 处理后烟草根系土壤微生物 PLFAs 含量变化

Fig. 1 Changed of PLFAs amount in the rhizosphere of tobacco under treatment of avirulent strain RS-1403

2.3 无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物结构变化动态

比较无致病力青枯雷尔氏菌 RS-1403 处理后烟草根系土壤微生物量的变化特征(表 2)，结果表明，菌株 RS-1403 处理后的不同时期，烟草根系土壤微生物总量均比对照组高，说明无致病力青枯雷尔氏菌处理能够富集烟草根系土壤的微生物。处理组和对照组微生物总量随时间变化均呈现先降后升再降再升趋势。进一步分析发现，菌株 RS-1403 处理能够促进烟草根系土壤细菌和真菌的生长，而抑制放线菌的生长。

表 2 菌株 RS-1403 处理对烟草根系土壤特征微生物 PLFA 含量影响

Table 2 Effect of avirulent stain RS-1403 on PLFAs content of different microorganisms in tobacco root system

微生物类型 Type of microbial	磷脂脂肪酸标记 PLFAs	处理组 Treatment group/(nmol/g)					对照组 Control group/(nmol/g)				
		TR5d	TR10d	TR15d	TR20d	TR25d	CK5d	CK10d	CK15d	CK20d	CK25d
总微生物量	Total PLFAs	22.51	19.59	37.01	15.74	22.56	18.36	16.39	21.73	11.42	23.72
细菌	含有以酯链与甘油相连的饱和或单不饱和脂肪酸(如 15:0, i15:0, i16:0 等)	21.96	17.82	35.51	15.22	21.01	17.41	15.61	20.41	10.77	21.73
Bacteria in general											
真菌 Fungi	18:1ω9c	2.88	2.04	3.39	1.56	2.18	1.92	2.24	2.47	1.55	1.16
放线菌 Actinomycete	10Me16:0	0.55	0.77	0	0.52	0.72	0.95	0.78	0.91	0.65	1.18

2.4 无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物群落多样性指数动态变化

多样性指数在评价土壤的微生物群落多样性时非常有效,高的多样性指数值表明高的微生物群落多样性^[21]。Simpson 指数反映群落的优势度,Shannon 指数反映群落的丰富度,Pielou 指数反映群落物种均匀度^[22-23]。表 3 为无致病力青枯雷尔氏菌 RS- 1403 处理对烟草根系土壤微生物群落多样性指数的影响。菌株 RS-1403 处理能明显提高烟草根系土壤微生物群落的 Simpson、Shannon 和 Pielou 指数值,其中 Simpson 指数比对照组平均增加 12.71%,处理后 10 d,处理组 Simpson 指数为 0.867,对照组 Simpson 指数为 0.707,此时,Simpson 指数增加量最高为 18.45%;Shannon 指数比对照组平均增加 23.18%,处理 10 d,Shannon 指数增加量最高为 30.31%,此时,处理组 Shannon 指数为 2.689,对照组 Shannon 指数为 1.874;Pielou 指数比对照组平均增加 8.71%,处理 5 d,Pielou 指数增加量最高为 13.90%,此时,处理组 Pielou 指数为 0.892,对照组 Pielou 指数为 0.768。

表 3 取样期不同处理烟草根际土壤微生物群落多样性指数

Table 3 Microbial community diversity index of tobacco root soil among sampling time under different treatment

项目 Items	Simpson 指数 Simpson index					Shannon 指数 Shannon index					Pielou 指数 Pielou index				
	5d	10d	15d	20d	TR25d	5d	10d	15d	20d	TR25d	5d	10d	15d	20d	TR25d
处理组 Treatment group	0.855	0.867	0.850	0.881	0.831	2.677	2.689	2.666	2.6983	2.592	0.892	0.896	0.889	0.899	0.864
对照组 Control group	0.720	0.707	0.806	0.767	0.816	2.157	1.874	2.495	1.916	2.576	0.768	0.807	0.8322	0.825	0.859

2.5 无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物亚群落的分化

由图 2 可见,无致病力青枯雷尔氏菌 RS-1403 胁迫下烟草根系土壤微生物亚群落分化与对照组的烟草根系土壤微生物亚群落分化不同,当兰氏距离为 2.56 时,可将菌株 RS-1403 胁迫下烟草根系土壤微生物磷脂脂肪酸生物标记划分为 4 个亚群落,亚群落 I 包含 8 条磷脂脂肪酸生物标记,它们是 12:00、a16:0、14:00、16:1ω5c、i17:0、cy17:0、a17:0 和 10Me 16:0,其特征为脂肪酸生物标记在多数样品中均有分布且分布量较小;亚群落 II 包含 i15:0、a15:0、i16:0、18:1ω9c、18:1ω7c、18:00 和 cy19:0ω8c 7 条磷脂脂肪酸生物标记,其特征为属完全分布类型即在所有样品中均有分布,且分布量中等;亚群落 III 只含有 16:00 一条磷脂脂肪酸标记,其特征为属完全分布类型,且分布量大;亚群落 IV 含有 15:00、i17:1ω9c、17:1ω8c、17:00、20:4ω6,9,12,15c 和 20:00 6 条脂肪酸生物标记,其特征为属不完全分布类型即只有在部分样品中有分布,且分布量较小。

当兰氏距离为 2.56 时,可将对照组的烟草根系土壤微生物磷脂脂肪酸生物标记划分为 4 个亚群落,亚群落 I 只含 12:00 1 条磷脂脂肪酸生物标记,特征为在多数样品中均有分布,且分布较均匀;亚群落 II 包含 14:00、i15:0、a15:0、i16:0、a16:0、16:1ω5c、10Me 16:0、i17:0、a17:0 和 18:1ω9c 10 条脂肪酸生物标记,其特征为属完全分布类型,除 i15:0 和 18:1ω9c 2 条脂肪酸生物标记分布量较大外,其余 8 条脂肪酸生物标记分布量较小;亚群落 III 包含 15:00、20:00、17:00、i17:1ω9c、17:1ω8c、cy17:0、20:4ω6,9,12,15c、18:1ω7c、18:00 和 cy19:0ω8c 10 条脂肪酸生物标记,其特征为属不完全分布类型,在各样品中分布量不均匀,在有些样品中分布量大,而在另一些样品分布量小或没有分布;亚群落 IV 只含 16:00 一条脂肪酸标记,其特征为属完全分布类型,且在各样品中分布量大。

2.6 无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下烟草根系土壤微生物群落时间动态聚类分析

对取样期内的菌株 RS- 1403 处理和对照组的烟草根系土壤聚类分析,结果如图 3 所示,当马氏距离为 9.19 时,可将取样期内不同处理的烟草根系土壤聚为两类,取样期内的菌株 RS- 1403 处理和对照组的烟草根系土分别聚在类群 I 和类群 II 中,说明烟草根系土壤微生物群落随时间变化不明显,但菌株 RS- 1403 的胁迫接种能对其影响较大;当马氏距离为 5.52 时,可将类型 I 细分为两类,亚类群 I 的特征为菌株 RS- 1403 处理初期的烟草根系土壤;亚类群 II 的特征为主要是菌株 RS- 1403 处理中、后期的烟草根系土壤。当马氏距离为 5.52 时可将类型 II 细分为三亚类,亚类群 I 特征为清水对照处理初期和中期的烟草根系土壤,而且二者在很短的距离尺度聚为一类,显示二者土壤微生物群落结构的相似性;亚类 II 为对照组中期的烟草根系土壤,亚类

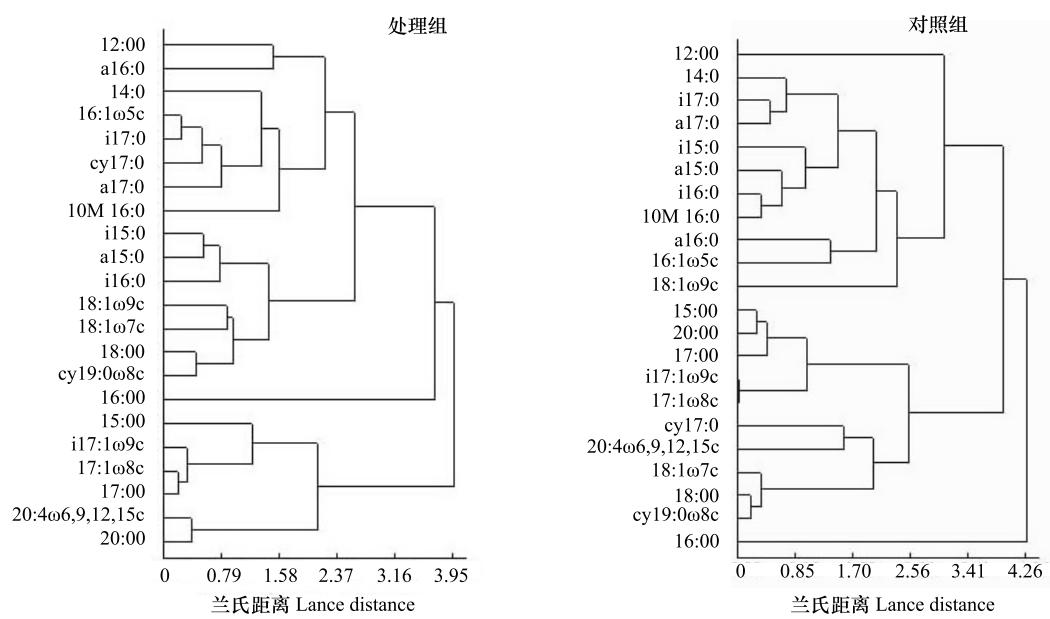


图2 不同处理的烟草根系土壤微生物亚群落的磷脂脂肪酸生物标记聚类分析

Fig. 2 Cluster analysis of PLFAs substructures in the tobacco root soils under different treatment

III为对照组后期的根系土壤,它们与亚类群I均有一定的距离,说明其微生物群落结构间存在一定的差异性。

3 讨论

长期以来,人们持诱导的观点,认为生防菌诱导了植株一些酶的活性,从而增强植株抗病力,对生防菌处理后改变土壤微生物群落变化这一生态防病机制认识不足。植物根系是一个特殊的环境,不同的植物孕育着不同的根际微生物^[24]。根系土壤微生物对根系土壤有机质的分解、无机质的转化、氮的固定以及植株养分吸收、植株生长发育和抗病能力都具有明显的影响^[25],改变植物根系微生物结构,会影响到植物的生长特性,已有研究表明,根系土壤微生物通过相互竞争、协调、驱动养分循环等作用影响着植物生长^[26]。根系土壤微生物群落结构与植株抵御外界干扰的能力密切相关^[27]。本研究发现无致病力青枯雷尔氏菌胁迫处理,能改变烟草根系土壤微生物PLFAs组成及含量,这种变化表现为处理与否,(1)PLFAs呈下降型、(2)PLFAs呈无变化型、(3)PLFAs呈一般增加型(增加1%—50%)、(4)PLFAs呈中等增加型(增加50%—100%), (5)PLFAs呈显著增加型(增加100%以上),表明不同种类的微生物对无致病力青枯雷尔氏菌胁迫的响应不同。此结论与郭志英等^[28]的研究结果相吻合,他们在研究生防菌Act1对西瓜根域微生物的调整效应时,发现该生防菌影响西瓜根区微生物的生长,对不同微生物影响力度不同,对芽孢杆菌含量影响最大。本研究同样发现无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下,烟草根系土壤的优势菌群为革兰氏阴性菌,而对照组的烟草根系土壤的优势菌群为革兰氏阳性菌,可能是因为无致病力青枯雷尔氏菌加入,对烟草根系土壤中多数阳性菌产生营养竞争作用,从而使得无致病力青枯雷尔氏菌胁迫下的烟草根系土壤微生物群落中阴性菌成为优势菌群,这种机理有待于今后进一步研究。

在自然界同一环境中许多微生物群体组成一个群落,在有限的自然环境中通过生物间的相互作用,经过

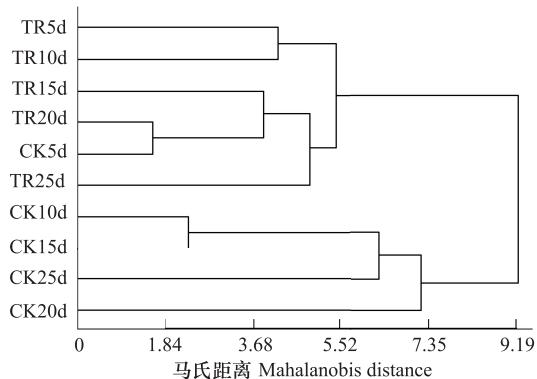


图3 不同处理的烟草根系土壤微生物群落时间动态聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of PLFAs structures in the tobacco root soils under different treatment

自然选择最终达到平衡。一种外源菌的加入会影响到这种平衡,最终由环境决定其存亡^[29]。本研究发现,接种无致病力青枯雷尔氏菌能改变烟草根系土壤微生物种群结构和含量,有利于烟草根系土壤中细菌和真菌的生长,但不利于放线菌的生长,这与 Rogers 等^[30]的研究结果相一致,他们的研究表明固氮灰色念珠藻 *Nostoc muscorum* 能促进土壤中细菌和真菌的生长,其数量分别提高了 500 倍和 16 倍,而与朱伟杰等^[31]报道相反,他们采用生防菌 *Pseudomonas fluorescens* 2P24 处理甜瓜根围土壤,却发现生防菌对土壤中细菌和真菌有较强的抑制作用,对放线菌却具有促进作用。这可能是因为不同生防菌及生防菌对不同作物根系土壤微生物种类及种群结构的影响不同。

抑制植物土传病害在一定程度上是土壤微生物群体作用,当土壤微生物群落结构越丰富,物种越均匀,多样性越高时,对病原菌的防控能力越强^[32]。Yoshitaka 等^[33]在比较番茄抗青枯病根系土壤与感病土壤时发现,抗病土壤微生物群落的多样性显著高于感病土壤中微生物的群落多样性。本研究发现,接种无致病力青枯雷尔氏菌后烟草根系土壤的 Simpson 指数、Shannon 指数和均匀度 Pielou 指数均比对照高,表明无致病力青枯雷尔氏菌胁迫能提高了烟草根系土壤中微生物群落结构和组成的丰富度和均匀性,从而提高了土壤生态系统的稳定性、和谐性和缓冲性,有利于提高土壤质量和抑制土传病害。

PLFAs 法在微生物群落分析和土壤质量指标研究中具有重要意义,它能克服微生物培养的限制,能分析土壤可培养微生物和不可培养微生物信息,因而这一技术可全面分析土壤微生物。本研究中 PLFAs 标记法为无致病力青枯雷尔氏菌接种后改善土壤微生物群落结构提高抗病力提供了土壤内在的表征指标,这一指标可作为无致病力青枯雷尔氏菌对烟草青枯病防病能力的判别指标。因此,PLFAs 法在这一领域的应用值得重视和深入研究。加强这一领域的研究对于土壤健康和农业可持续发展具有重要意义。

References:

- [1] Hayward A C. Biology and epidemiology of bacterial wilt caused by *Pseudomonas solanacearum*. Annual Review of Phytopathology, 1991, 29(1) : 65-87.
- [2] Saddle G S. Management of bacterial wilt disease// Allen C, Prior P, Hayward A C, eds. Bacterial Wilt Disease and the *Ralstonia solanacearum* Species Complex. Paul: American Phytopathological Society, 2005 : 121-132.
- [3] Zheng X F, Che J M, Lin Y Z, Lan J L, Liu B. Genetic diversity analysis of *Ralstonia solanacearum* based on ITS sequence and RAMS marker. Journal of Agricultural Biotechnology, 2008, 16(4) : 694-700.
- [4] Cheng B L, Che J M, Liu B. Construction of avirulent mutants of *Ralstonia Solanacearum* by Tn5 transposon and analysis of its biological characteristics. Journal of Agricultural Biotechnology, 2011, 19(1) : 26-35.
- [5] Engebrecht M G. Evaluation of tobacco species cultivars and breeding for resistance to South African of *Pseudomona ssolanacearum*. Phytophylactica, 1991, 24(4) : 399-342.
- [6] Zheng J F, Zhang J H, Li L C, Wang Z F. Analysis of the resistance of different varieties to *pseudomonas solanacearum*. Journal of Shandong Agricultural University, 1995, 26(1) : 23-29.
- [7] Trigale A, Trigalet-Demery D. Use of avirulent mutants of *Pseudomonas solanacearum* for the biological control of bacterial wilt of tomato plants. Physiological and Molecular Plant Pathology, 1990, 36(1) : 27-38.
- [8] Etchebar C, Trigalet-demery D, van Gijsegem F, Vasse J, Trigalet A. Xylem colonization by an HrcV⁻ mutant of *Ralstonia solanacearum* is a key factor for the efficient biological control of tomato bacterial wilt. Molecular Plant-Microbe Interactions, 1998, 11(9) : 869-877.
- [9] Cheng Q H, Weng Q Y, Hu F P. Effects of avirulent strains of *Ralstonia solanacearum* on tomato bacterial wilt. Chinese Journal of Biological Control, 2004, 20(1) : 42-44.
- [10] Xiao T, Xiao C G, Zou Y, Yuan X L. A preliminary study on the control of tobacco bacterial wilt by avirulent strains of *Ralstonia solanacearum*. Plant Protection, 2008, 34(2) : 79-82.
- [11] Kuang C F, He Z M, Tang R Y, Huang S Y, Deng F X. Determination of microbial number and physiological strains in soil infected with Bacterical wilt. Chinese Tobacco Science, 2003, 24(1) : 43-45.
- [12] Ponder F J, Tadros M. Phospholipid fatty acids in forest soil four years after organic matter removal and soil compaction. Applied Soil Ecology, 2002, 19(2) : 173-182.
- [13] Hesselsoe M, Boysen S, Iversen N, Jørgensen L, Murrell J C, McDonald I, Radajewski S, Thestrup H, Roslev P. Degradation of organic pollutants by methane grown microbial consortia. Biodegradation, 2005, 16(5) : 435-448.
- [14] Wilke B M, Gattinger A, Fröhlich E, Zelles L, Gong P. Phospholipid fatty acid composition of a 2, 4, 6-trinitrotoluene contaminated soil and an uncontaminated soil as affected by a humification remediation process. Soil Biology and Biochemistry, 2004, 36(4) : 725-729.
- [15] Frostegård Å, Tunlid A, Bäth E. Phospholipid fatty acid composition, biomass, and activity of microbial communities from two soil types

- experimentally exposed to different heavy metals. *Applied and Environmental Microbiology*, 1993, 59(11): 3605-3617.
- [16] Kourtev P S, Ehrenfeld J G, Häggelom M. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil. *Ecology*, 2002, 83(11): 3152-3166.
- [17] Bardgett R D, Hobbs P J, Frostegård Å. Changes in soil fungal:bacterial biomass ratios following reductions in the intensity of management of an upland grassland. *Biology and Fertility of Soils*, 1996, 22(3): 261-264.
- [18] Frostegård A, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil. *Biology and Fertility of Soils*, 1996, 22(1/2): 59-65.
- [19] Bailey V L, Smith J L, Bolton H Jr. Fungal-to-bacterial ratios in soils investigated for enhanced C sequestration. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(7): 997-1007.
- [20] Mumme D L, Stahl P D, Buyer J S. Microbial biomarkers as an indicator of ecosystem recovery following surface mine reclamation. *Applied Soil Ecology*, 2002, 21(3): 251-259.
- [21] Xue D, Yao K Y, Huang C Y. Genetic diversity of microbial communities in tea orchard soil. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2007, 18(4): 843-847.
- [22] Magurran A E. Ecological Diversity and Its Measurement. Princeton: Princeton University Press, 1998: 141-162.
- [23] Pielou E C. Mathematical Ecology. New York: John Wiley and Sons Inc Press, 1975.
- [24] Shimizu M, Nakajima Y, Matsuya K, Kimura M. Comparison of phospholipid fatty acid composition in percolating water, floodwater, and the plow layer soil during the rice cultivation period in a Japanese paddy field. *Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition*, 2002, 48(4): 595-600.
- [25] Liu J J, Chen H B, Tian C M, Shang L B. Soil properties of rhizosphere microecosystem in main kinds of trees in huoditang forest region of Qinling. *Journal of Soil Water Conservation*, 1998, 4(3): 52-56.
- [26] Clay K, Holah J. Fungal endophyte symbiosis and plant diversity in successional fields. *Science*, 1999, 285(5434): 1742-1744.
- [27] Sugden A M. Ecology: diversity and ecosystem resilience. *Science*, 2000, 290(5490): 233-235.
- [28] Guo X Y, Zhang X L, Xue Q H, Yang B, Xu Y J, Zhou Y Q. Effect of the inoculation with the antagonistic fungi and actinomycetes in seedbed on micro ecological systems of capsicum rooting zone and yield of capsicum. *Journal of Northwest A and F University: Natural Science Edition*, 2008, 36(4): 143-150.
- [29] Wang H M, Sun Y L, Wang J H. Preliminary study on the effects of biocontrol strain E26 on some ecological factors. *Scientia Agricultura Sinica*, 2002, 35(1): 38-41.
- [30] Rogers S L, Burns R G. Changes in aggregate stability, nutrient status, indigenous microbial populations, and seedling emergence, following inoculation of soil with *Nostoc muscorum*. *Biology and Fertility of Soils*, 1994, 18(3): 209-215.
- [31] Zhu W J, Wang N, Yun X P, Wang W. Effects of the biocontrol agent *Pseudomonas fluorescens* 2P24 on microbial community diversity in the melon rhizosphere. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(7): 1389-1396.
- [32] Cai Y F, Liao Z W, Zhang J E, Kong W D, He C X. Effect of ecological organic fertilizer on tomato bacterial wilt and soil microbial diversities. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2003, 14(3): 349-353.
- [33] Shiomi Y, Nishiyama M, Onizuka T, Marumoto T, Comparison of bacterial community structures in the rhizoplane of tomato plants grown in soils suppressive and conducive towards bacterial wilt. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65(9): 3996-4001.

参考文献：

- [3] 郑雪芳, 车建美, 林营志, 蓝江林, 刘波. 基于 ITS 序列和 RAMS 标记分析青枯雷尔氏菌的遗传多样性. *农业生物技术学报*, 2008, 16(4): 694-700.
- [4] 程本亮, 车建美, 刘波. 青枯雷尔氏菌 Tn5 转座子无致病力突变株构建及其生物学特性. *农业生物技术学报*, 2011, 19(1): 26-35.
- [6] 郑继法, 张建华, 李连臣, 王智发. 烟草不同品种对青枯菌的抗性分析. *山东农业大学学报*, 1995, 26(1): 23-29.
- [9] 陈庆河, 翁启勇, 胡方平. 无致病力青枯菌株对番茄青枯病的防治效果. *中国生物防治*, 2004, 20(1): 42-44.
- [10] 肖田, 肖崇刚, 邹阳, 袁希雷. 青枯菌无致病力菌株对烟草青枯病的控病作用初步研究. *植物保护*, 2008, 34(2): 79-82.
- [11] 匡传富, 何志明, 汤若云, 黄声仪, 邓芳席. 烟草青枯病土壤微生物数量及生理群的测定. *中国烟草科学*, 2003, 24(1): 43-45.
- [21] 薛冬, 姚槐应, 黄昌勇. 茶园土壤微生物群落基因多样性. *应用生态学报*, 2007, 18(4): 843-847.
- [25] 刘建军, 陈海滨, 田呈明, 尚廉斌. 秦岭火地塘林区主要树种根际微生态系统土壤性状研究. *水土保持学报*, 1998, 4(3): 52-56.
- [28] 郭志英, 薛泉宏, 张晓鹿, 杨斌, 许英俊, 周永强. 生防菌苗床接种对辣椒根域微生态及产量的影响. *西北农林科技大学学报: 自然科学版*, 2008, 36(4): 143-150.
- [29] 王慧敏, 孙艳丽, 王建辉. 生防菌株 E26 对部分生态因子的影响. *中国农业科学*, 2002, 35(1): 38-41.
- [31] 朱伟杰, 王楠, 郁雪平, 王伟. 生防菌 *Pseudomonas fluorescens* 2P24 对甜瓜根围土壤微生物的影响. *中国农业科学*, 2010, 43(7): 1389-1396.
- [32] 蔡燕飞, 廖宗文, 章家恩, 孔维栋, 何成新. 生态有机肥对番茄青枯病及土壤微生物多样性的影响. *应用生态学报*, 2003, 14(3): 349-353.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 32 ,No. 14 July ,2012(Semimonthly)
CONTENTS

Growth and physiological adaptation of <i>Messerschmidia sibirica</i> to sand burial on coastal sandy	WANG Jin,ZHOU Ruilian, ZHAO Halin, et al (4291)
Alleviation effect and mechanism of exogenous potassium nitrate and salicylic acid on the growth inhibition of <i>Pinus tabulaeformis</i> seedlings induced by deicing salts	ZHANG Ying, LI Fayun, YAN Xia, et al (4300)
Influence of different spatial-scale factors on stream macroinvertebrate assemblages in the middle section of Qiantang River Basin	ZHANG Yong, LIU Shuoru, YU Haiyan, et al (4309)
Species diversity and distribution pattern of non-volant small mammals along the elevational gradient on eastern slope of Gongga Mountain	WU Yongjie, YANG Qisen, XIA Lin, et al (4318)
A patch-based method for mechanism analysis on spatial dynamics of mangrove distribution	LI Chungan, LIU Suqing, FAN Huangqing, et al (4329)
Nutrient heterogeneity in fine roots of six subtropical natural tree species	XIONG Decheng, HUANG Jinxue, YANG Zhijie, et al (4343)
Variation of vegetation NDVI and its response to climate change in Zhejiang Province	HE Yue, FAN Gaofeng, ZHANG Xiaowei, et al (4352)
Heterogeneity in fine root respiration of six subtropical tree species	ZHENG Jinxing, XIONG Decheng, HUANG Jinxue, et al (4363)
Characteristics of ammonia-oxidizing bacteria and ammonia-oxidizing archaea abundance in soil organic layer under the subalpine/ alpine forest	WANG Ao, WU Fuzhong, HE Zhenhua, et al (4371)
Effect of tillage systems on light fraction carbon in a purple paddy soil	ZHANG Junke, JIANG Changsheng, HAO Qingju, et al (4379)
Effects of prescribed fire on carbon sequestration of long-term grazing-excluded grasslands in Inner Mongolia	HE Nianpeng, HAN Xingguo, YU Guirui, et al (4388)
Stoichiometry of carbon dioxide and methane emissions in Minjiang River estuarine tidal wetland	WANG Weiqi, ZENG Congsheng, TONG Chuan, et al (4396)
Distribution and sources of particulate organic carbon in the Pearl River Estuary in summer 2010	LIU Qingxia, HUANG Xiaoping, ZHANG Xia, et al (4403)
The glucose-utilizing bacterial diversity in the cold spring sediment of Shawan, Xinjiang, based on stable isotope probing	CHU Min, WANG Yun, ZENG Jun, et al (4413)
Culture-dependent and culture-independent approaches to studying soil microbial diversity	LIU Guohua, YE Zhengfang, WU Weizhong (4421)
The classification of plant functional types based on the dominant herbaceous species in the riparian zone ecosystems in the Yiluo River	GUO Yili, LU Xunling, DING Shengyan (4434)
Genetic diversity of different eco-geographical populations in endangered plant <i>Prunus mongolica</i> by ISSR Markers	ZHANG Jie, WANG Jia, LI Haoyu, ZHANG Huirong, et al (4443)
Ecophysiological characteristics of higher-latitude transplanted mangrove <i>Kandelia candel</i> in strong tidal range area	ZHENG Chunfang, QIU Jianbiao, LIU Weicheng, et al (4453)
The effect of artificial warming during winter on white clover (<i>Trifolium repens</i> Linn) : overwintering and adaptation to coldness in late spring	ZHOU Ruilian, ZHAO Mei, WANG Jin, et al (4462)
Estimating fine root production and mortality in subtropical <i>Altingia grililipes</i> and <i>Castanopsis carlesii</i> forests	HUANG Jinxue, LING Hua, YANG Zhijie, et al (4472)
The cloning and expression of WUE-related gene (<i>PdEPF1</i>) in <i>Populus deltoides</i> × <i>Populus nigra</i>	GUO Peng, JIN Hua, YIN Weilun, et al (4481)
The allelopathy of aquatic rhizome and root extract of <i>Thalia dealbata</i> to seedling of several aquatic plants	MIAO Lihua, WANG Yuan, GAO Yan, et al (4488)
Effect of the avirulent strain of <i>Ralstonia solanacearum</i> on the ecological characteristics of microorganism fatty acids in the rhizosphere of tobacco	ZHENG Xuefang, LIU Bo, LAN Jianlin, et al (4496)
Coupling remotely sensed information with a rice growth model by combining updating and assimilation strategies	WANG Hang, ZHU Yan, MA Mengli, et al (4505)
Effects of water temperature and body weight on metabolic rates of Yellowtail clownfish <i>Amphiprion clarkii</i> (Pisces: Perciformes) during larval development	YE Le, YANG Shengyun, LIU Min, et al (4516)
The distribution of chlorophyll a in the Southwestern Indian Ocean in summer	HONG Lisha, WANG Chunsheng, ZHOU Yadong, et al (4525)
Evaluation of the effects of ecological remediation on the water quality and biological toxicity of Dagu Drainage River in Tianjin	WANG Min, TANG Jingchun, ZHU Wenying, et al (4535)
Quantitative dynamics of adult population and 3-D spatial pattern of <i>Ceoporus variabilis</i> (Baly)	WANG Wenjun, LIN Xuefei, ZOU Yunding, et al (4544)
Review and Monograph	
Studies on urban heat island from a landscape pattern view: a review	CHEN Ailian, SUN Ranhai, CHEN Liding (4553)
Sediment quality triad and its application in coastal ecosystems in recent years	WU Bin, SONG Jinming, LI Xuegang, et al (4566)
Discussion	
Food waste management in China: status, problems and solutions	HU Xinjun, ZHANG Min, YU Junfeng, et al (4575)
Scientific Note	
Effects of microchemical substances in anaerobic fermented liquid from rice straw and cyanobacteria on <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>niveum</i> growth	LIU Aimin, XU Shuangsoo, CAI Xin, et al (4585)
Ecological benefit-loss analysis of agricultural ecosystem in Foshan City, China	YE Yanqiong, ZHANG Jiaen, QIN Zhong, et al (4593)

《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

(SHENTAI XUEBAO)

(半月刊 1981 年 3 月创刊)

第 32 卷 第 14 期 (2012 年 7 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 14 (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

主 编 冯宗炜
主 管 中国科学技术协会
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

出 版 科 学 出 版 社
地址:北京东黄城根北街 16 号
邮政编码:1000717

印 刷 北京北林印刷厂
行 销 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

订 购 全国各地邮局
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

广告经营 京海工商广字第 8013 号
许 可 证

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

Editor-in-chief FENG Zong-Wei
Supervised by China Association for Science and Technology
Sponsored by Ecological Society of China
Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS
Add: 18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China

Published by Science Press
Add: 16 Donghuangchenggen North Street,
Beijing 100717, China

Printed by Beijing Bei Lin Printing House,
Beijing 100083, China

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

Domestic All Local Post Offices in China
Foreign China International Book Trading
Corporation
Add: P. O. Box 399 Beijing 100044, China

ISSN 1000-0933
14>

9 771000093125