

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

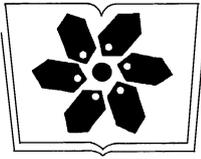
Acta Ecologica Sinica



第 32 卷 第 19 期 Vol.32 No.19 **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 19 期 2012 年 10 月 (半月刊)

目 次

中国野生东北虎数量监测方法有效性评估	张常智, 张明海, 姜广顺 (5943)
城市居民食物氮消费变化及其环境负荷——以厦门市为例	于 洋, 崔胜辉, 赵胜男, 等 (5953)
珠江口水域夏季小型底栖生物群落结构	袁俏君, 苗素英, 李恒翔, 等 (5962)
2010 年夏季雷州半岛海岸带浮游植物群落结构特征及其与主要环境因子的关系	龚玉艳, 张才学, 孙省利, 等 (5972)
阿根廷滑柔鱼两个群体间耳石和角质颞的形态差异	方 舟, 陈新军, 陆化杰, 等 (5986)
黄河三角洲滨海草甸与土壤因子的关系	谭向峰, 杜 宁, 葛秀丽, 等 (5998)
盘锦湿地净初级生产力时空分布特征	王莉雯, 卫亚星 (6006)
菜豆根瘤菌对土壤钾的活化作用	张 亮, 黄建国, 韩玉竹, 等 (6016)
花生植株和土壤水浸液自毒作用研究及土壤中自毒物质检测	黄玉茜, 韩立思, 杨劲峰, 等 (6023)
遮荫对金莲花光合特性和叶片解剖特征的影响	吕晋慧, 王 玄, 冯雁梦, 等 (6033)
火干扰对小兴安岭草丛、灌丛沼泽温室气体短期排放的影响	顾 韩, 牟长城, 张博文, 等 (6044)
古尔班通古特沙漠南部植物多样性及群落分类	张 荣, 刘 彤 (6056)
黄土高原樟子松和落叶松与其他树种枯落叶混合分解对土壤的影响	李 茜, 刘增文, 米彩虹 (6067)
长期集约种植对雷竹林土壤氨氧化古菌群落的影响	秦 华, 刘卜榕, 徐秋芳, 等 (6076)
H ₂ O ₂ 参与 AM 真菌与烟草共生过程	刘洪庆, 车永梅, 赵方贵, 等 (6085)
北京山区防护林优势树种分布与环境的关系	邵方丽, 余新晓, 郑江坤, 等 (6092)
早直播条件下强弱化感潜力水稻根际微生物的群落结构	熊 君, 林辉锋, 李振方, 等 (6100)
不同森林类型根系分布与土壤性质的关系	黄 林, 王 峰, 周立江, 等 (6110)
臭氧胁迫下硅对大豆抗氧化系统、生物量及产量的影响	战丽杰, 郭立月, 宁堂原, 等 (6120)
垃圾填埋场渗滤液灌溉对土壤理化特征和草本花卉生长的影响	王树芹, 赖 娟, 赵秀兰 (6128)
稻麦轮作系统冬小麦农田耕作措施对氧化亚氮排放的影响	郑建初, 张岳芳, 陈留根, 等 (6138)
不同施氮措施对旱作玉米地土壤酶活性及 CO ₂ 排放量的影响	张俊丽, 高明博, 温晚霞, 等 (6147)
北方农牧交错区农业生态系统生产力对气候波动的响应——以准格尔旗为例	孙特生, 李 波, 张新时 (6155)
辽宁省能源消费和碳排放与经济增长的关系	康文星, 姚利辉, 何介南, 等 (6168)
基于 FARSITE 模型的丰林自然保护区潜在林火行为空间分布特征	吴志伟, 贺红士, 梁 宇, 等 (6176)
不同后作生境对玉米地天敌的冬季保育作用	田耀加, 梁广文, 曾 玲, 等 (6187)
云南紫胶虫种群数量对地表蚂蚁多样性的影响	卢志兴, 陈又清, 李 巧, 等 (6195)
阿波罗绢蝶种群数量和垂直分布变化及其对气候变暖的响应	于 非, 王 吟, 王绍坤, 等 (6203)
专论与综述	
海水养殖生态系统健康综合评价: 方法与模式	蒲新明, 傅明珠, 王宗灵, 等 (6210)
海草场生态系统及其修复研究进展	潘金华, 江 鑫, 赛 珊, 等 (6223)
水华蓝藻对鱼类的营养毒理学效应	董桂芳, 解绶启, 朱晓鸣, 等 (6233)
环境胁迫对海草非结构性碳水化合物储存和转移的影响	江志坚, 黄小平, 张景平 (6242)
生态免疫学研究进展	徐德立, 王德华 (6251)
研究简报	
喀斯特峰丛洼地不同森林表层土壤有机质的空间变异及成因	宋 敏, 彭晚霞, 邹冬生, 等 (6259)
准噶尔盆地东南缘梭梭种子雨特征	吕朝燕, 张希明, 刘国军, 等 (6270)



封面图说: 岸边的小白鹭——鹭科白鹭属共有 13 种, 其中有大白鹭、中白鹭、白鹭(小白鹭)、黄嘴白鹭等, 体羽皆是全白, 世通称白鹭。夏季的白鹭成鸟繁殖时枕部着生两条狭长而软的矛状羽, 状若双辫, 肩和胸着生蓑羽, 冬季时蓑羽常全部脱落, 白鹭虹膜黄色, 嘴黑色, 脚部黑色, 趾呈黄绿色。小白鹭常常栖息于稻田、沼泽、池塘水边, 以及海岸浅滩的绿树林里。白天觅食, 好食小鱼、蛙、虾及昆虫等。繁殖期 3—7 月。繁殖时成群, 常和其他鹭类在一起, 雌雄均参加营巢, 次年常到旧巢处重新修葺使用。

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

DOI: 10.5846/stxb201108011126

熊君, 林辉锋, 李振方, 方长旬, 韩庆典, 林文雄. 旱直播条件下强弱化感潜力水稻根际微生物的群落结构. 生态学报, 2012, 32(19): 6100-6109.
Xiong J, Lin H F, Li Z F, Fang C X, Han Q D, Lin W X. Analysis of rhizosphere microbial community structure of weak and strong allelopathic rice varieties under dry paddy field. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(19): 6100-6109.

旱直播条件下强弱化感潜力水稻根际 微生物的群落结构

熊 君¹, 林辉锋², 李振方¹, 方长旬¹, 韩庆典³, 林文雄^{1,*}

(1. 福建农林大学生命科学学院, 福州 350002; 2. 三明农业科学研究所, 三明 365509;

3. 临沂大学生命科学学院, 临沂 276000)

摘要:运用末端限制性片段长度多态性(T-RFLP)技术,以强化感水稻品种 PI312777 和弱化感水稻品种 Lemont 为材料,研究了旱直播模式下 5 叶期和 7 叶期化感水稻根际土壤微生物的组成和结构。结果显示:Hae III 和 Msp I 2 种内切酶分别检测到 9—87 个 TRFs, 15—89 个 TRFs, 各个样本的 TRFs 排序间存在极显著差异,表明各样本的微生物的相对丰富度存在极显著差异。用物种丰富度(*S*)、香隆指数(*H*)、Simpson 多样性指数(*D*)、均匀度指数(*E*)评价了 6 个样本中 TRFs 的多样性,香隆指数最能体现 2 个酶切片断中 TRFs 的多样性,PI7 中 TRFs 多样性最高。聚类分析和主成分分析表明旱作条件下强弱化感潜力水稻在生育前期(5 叶期以前)根际微生物群落的组成与结构相似性较大,而 7 叶期强弱化感水稻及对照之间微生物群落差异较大,表明水稻根际微生物的组成既受生育期的影响又受水稻品种的影响。7 叶期的化感水稻根际微生物呈现最大物种丰富度和香隆-威尔指数多样性,在其特有的 34 个菌中有 7 个属于粘细菌目,另外还有一些滑行菌和一些与氮循环相关的细菌等。粘细菌可能通过次生代谢产物抑制伴生杂草种子的萌发,降低杂草的密度从而提高化感水稻的化感作用潜力。

关键词:化感; 水稻; 根际土壤; 细菌群落; T-RFLP

Analysis of rhizosphere microbial community structure of weak and strong allelopathic rice varieties under dry paddy field

XIONG Jun¹, LIN Huifeng², LI Zhenfang¹, FANG Changxun¹, HAN Qingdian³, LIN Wenxiong^{1,*}

1 College of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China

2 Sanming Institute of Agricultural Sciences, Sanming 365509, China

3 College of Life Science, Linyi University, Linyi 276000, China

Abstract: Terminal restrain fragment length polymorphism (T-RFLP) technique was employed to investigate the microbial community structure and composition in the rhizosphere of weak and strong allelopathic rice varieties directly sowing on dry paddy field at 5-leaf stage and 7-leaf stage. The results showed that 9—87 TRFs and 15—89 TRFs were detected from the soil DNA digested with two restriction enzymes Hae III and Msp I, respectively. The rank-abundance of TRFs from different samples showed extremely significant difference, indicating that relative abundance of rhizosphere bacteria was markedly different. The diversity indices including species abundance (*S*), Shannon-wiener diversity index (*H*), Pilon diversity index (*D*) and evenness index (*E*) were used to analyse the diversity of TRFs in 6 samples. The analysis of correlation coefficients among species indices showed that Shannon-wiener diversity index was the best one for the investigation of the species diversity. The Shannon-wiener diversity in the sample of PI7 was the highest compared with

基金项目:福建省自然科学基金(2009J05045)

收稿日期:2011-08-01; 修订日期:2012-07-10

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wenxiong181@163.com

those in the others. The cluster analysis and principle analysis suggested the similarity among the 3 samples of 5-leaf stage was greater than that of 7- leaf stage. Especially, the three samples of 7-leaf stage were separated by not only principal component I but also principal component II, which implicated that the composition and structure of soil microorganism community could be regulated by both growth stage of rice and rice variety. The Shannon-wiener diversity index and species richness of PI7 were the highest in all samples, and 34 genera were special in PI7, in which 7 genera belonged to myxobacteria. Some sliding bacteria and N-fixing bacteria were also found in those special genera of PI7. Secondary metabolites of Myxobacteria might improve the allelopathic potential of allelopathic rice by inhibiting germination of weed seeds in soil seed bank and decreasing the density of weeds in the field of rice.

Key Words: allelopathy; rice; rhizosphere soil; bacterial community; T-RFLP

化感作用 (Allelopathy) 是指供体植物通过淋溶、挥发、分泌、分解等方式影响邻近受体植物生长的一种生态学过程,在种间关系中发挥重要作用。然而,对受体的这种影响效应究竟是化感物质的直接作用,还是化感物质的间接作用如改变了土壤的理化性状等造成的却一直存在争议:早期研究者认为化感物质在化感作用中发挥了关键作用,提出了“新武器假说”(Novel Weapon Hypothesis, 本土植物从未接触过的植物次生代谢物质,即化感物质),相关研究结果发表在《SCIENCE》上^[1-2],因此“新武器假说”在解释化感植物入侵的机制方面受到了大多数研究者的认同,从化感植物组织中分离和鉴定化感物质也成为化感作用研究的潮流和趋势。然而,此后针对这些“武器”在土壤中的生态学过程的研究却一次次给这个流行的假说造成冲击,这些过程包括微生物对次生代谢产物的降解、土壤颗粒与有机质对次生代谢产物的吸附、次生代谢产物之间的结合与转化等等,矢车菊入侵点化感物质的浓度也与《SCIENCE》上文章的结果不符,作者也亲口承认了这种差异^[3]。此外,在其它的化感植物中,化感物质的直接效应也受到了实验结果的质疑。果园除草剂——芸苔属植物种子炼油后的残渣具有较强的抑草作用,化感物质被鉴定为芥子油甙,但最近 Hoagland 否定该结论,认为真正“元凶”是腐霉菌 (*Pythium* spp.)^[4]; Inderjit 证实紫羊茅 (*Festuca rubra* ssp. *commutata*) 释放的化感物质 m-tryson 仅在灭菌的土壤中存在化感效应^[3]; 高粱 (*Sorghum bicolor*) 的化感物质 sorgoleone 苯环上的甲氧基在土壤中易发生矿化,来源于美国的样品矿化速率最快^[5]; 葱芥 (*Alliaria petiolata*) 的类黄酮类化感物质在非灭菌的土壤后半衰期不超过 12h,在灭菌土壤中也仅有 45.5h^[6]; 部分降解酚酸类微生物已被分离和鉴定^[7]。这些研究结果表明自然生态系统能降低实验室条件下鉴定的化感物质的活性,化感作用研究不能忽视土壤中最活跃的生态因子微生物的作用。

化感水稻根际微生物的研究已见报道^[8-12],然而所得的结论并不一致,而且还未见大田条件下化感水稻根际微生物群落结构动态变化的相关报道,为此,本文拟利用旱作条件(即水分胁迫)增加化感水稻的化感作用潜力,运用 T-RFLP 方法研究不同化感潜力水稻根际土壤细菌群落组成和结构的差异,动态分析旱直播模式下化感水稻根际土壤微生物结构,以揭示化感水稻品种根际特异和高丰度表达的微生物。

1 材料与方法

1.1 供试材料

以国际公认的化感水稻品种 PI312777 和非化感水稻品种 Lemont 为材料,栽培方式为旱直播,水稻旱直播具体步骤详见林瑞余等的方法^[8]。

旱直播苗床土壤取样期为水稻 5 叶期和 7 叶期,按照 5 点取样,采用抖落法获取各水稻根际土壤,空白对照在去除地面植被和地表凋落物后,收集 5—10 cm 土层土壤,所有收集的土壤样品立即过 2 mm 筛,充分混匀后,一份立即使用,另取一份土壤冷冻保存备用。

1.2 根际土壤微生物基因组总 DNA 的提取和纯化

土壤总 DNA 的提取步骤参考李钧敏^[13]方法加以改进,主要步骤如下:

(1) 2.5 g 土壤样品加入 10 mL 3% 焦磷酸钠 (pH 值 8.5, 含 1% 的 PVP (聚乙烯吡咯烷酮) <30>), 振荡 15

min 后,10000 r/min 室温离心 5 min。去上层洗涤液后,按 5 mL, 3mL 的 3% 焦磷酸钠量重复洗涤 3 次,期间剧烈搅拌。

(2) 向上述洗涤过的土壤沉淀加入 4 mL DNA 提取缓冲液(含 100 mmol/L Tris-HCl pH 8.0; 100 mmol/L EDTA-Na₂ pH 8.0; 100 mmol/L 磷酸钠缓冲液; 1.5 mol/L NaCl; 1% CTAB; 2% CaCl₂; 灭菌后加入 BSA 使提取液中的 BSA 浓度为 1 μg/mL) 和加入溶菌酶(10 mg/L)使其在提取液中的浓度为 1 mg/L,混匀后于 37 °C 水浴 1 h,期间不断混匀。

(3) 加入蛋白酶 K(20 mg/mL)使其蛋白酶 K 在溶液中的浓度为 100 μg/mL,混匀后于 65 °C 下水浴 1 h,期间每 20 min 中液氮冻融 1 次。重复 3 次。

(4) 上述完毕后,向溶液中加入等体积的氯仿/异戊醇(24:1)抽提,轻轻混匀,于 4 °C,12000 r/min 离心 10 min,小心吸取上清液于另一离心管中,溶液重复用等体积的氯仿/异戊醇(24:1)抽提一次后,向吸取的上层溶液中加入 0.6 体积的预冷的异丙醇,室温静置沉淀 1 h 后,4 °C 10000 r/min 离心 10 min,弃上清,沉淀用 2 mL 70% 的乙醇(含 0.1 mol/L 醋酸钠)洗涤 2—3 次,最后沉淀于超净台下吹干后,溶解于 200 μL 的 TE(10 mmol/L Tris-HCl pH 8.0, 1 mmol/L EDTA pH 8.0)中。

(5) 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,并进行 DNA 浓度的测定。

(6) 将上述粗提的土壤微生物总 DNA 用上海生工的 UNIQ-10 柱式 DNA 回收试剂盒回收纯化,经 1% 琼脂糖电泳检测后,于 -20 °C 下保存备用。以上每份土壤样品均未 3 次重复。

1.3 基因组总 DNA 的 T-RFLP 分析

引物:

正向引物 8-27 5'-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG -3', 5'端用 FAM 标记。

反向引物 907-926: 5'- CCG TCA ATT CCT TTR AGT TT -3'。

PCR 反应体系 Taq mix (takara) 12.5 U, 正向引物和反向引物各 1 U,模板 1 U,去离子水 10.5 U。

PCR 反应程序为 94 °C 预变性 5 min,94 °C,45 s,49.5 °C,45 s,72 °C,1.5 min,30 个循环后,72 °C 延伸 10 min。PCR 产物电泳检测后,用 UNIQ-10 柱式 DNA 回收试剂盒回收 1000bp 左右的 PCR 产物片段,用于酶切。

酶切用酶 Msp I 和 Hae III, Msp I 酶切体系:1 μL Msp I,2 μL Buffer,2 μL BSA,5 μL ddH₂O,10 μL PCR 产物。37 °C 温浴酶切 3—5 h; HaeIII 酶切体系:1 μL Hae III,2 μL H×Buffer,7 μL ddH₂O,10 μL PCR 产物。37 °C 温浴酶切 3—5 h。

酶切产物送至北京基因组研究所进行 T-RFs 荧光信号检测(ABI 自动测序分析仪(Model 3130 Applied Biosystems))。参数参照 SoftGenetics Application Note July, 2006 对获得的结果用 GeneMarker V1.2 进行分析。之后,将 T-RFLP 双酶切序列 T-RFs 的长度对比于 Ribosomal Database Project II(<http://wcdm.nig.ac.jp/RDP/trflp/#program>)数据库,找出 T-RFs 所对应的细菌种属。每个 T-RF 的丰度百分比(p_i)按照公式 $p_i = ni/N \times 100$ 计算。其中 ni 代表每个可分辨的 T-RF 的峰面积, N 代表所有 T-RF 峰面积的总和。

1.4 基于 T-RFLP 图谱的微生物多样性分析

用下列物种多样性指数衡量细菌群落物种多样性:物种丰富度指数(Genotype Richness S),香隆-威尔多样性指数(Shannon-weiner H'),Pielou 均匀度指数(Pielou's evenness index E),辛普森指数(Simson index $1-D$)。指数计算如下:

$$H' = - \sum (p_i) (\ln p_i)$$

$$E = H' / (\ln S)$$

$$1 - D = 1 - \sum p_i^2$$

式中, S 为每个样本 T-RFLP 图谱所产生的 T-RF 的数量

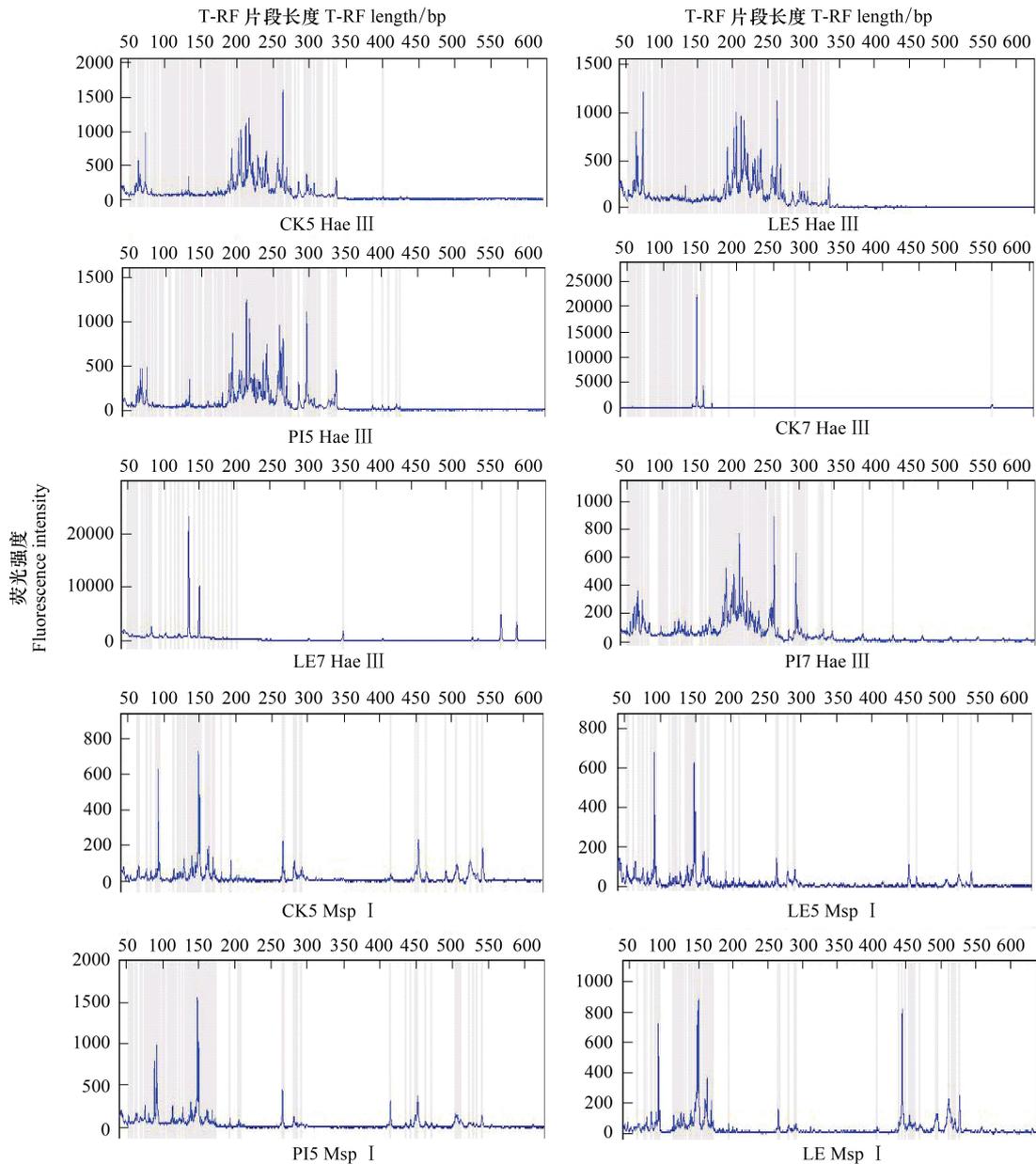
1.5 基于 T-RFLP 图谱的数据处理和统计分析

通过多样性指数间的相关性分析表明多样性指数的代表性,采用 Pearson Correlation 和二尾检验方法由 SPSS 13.0 软件分析。通过主成分分析(Principal Components Analysis PCA)揭示影响细菌群落结构的变量,每个 TRF 的相对丰度作为主成分分析的一个变量,分析由 CANOCO (V14.2) 软件处理。通过数量序列曲线揭示细菌群落分布的差异,每个 TRF 的相对丰度从大至小排列(曲线由 EXCEL 生成),用 Kruskal-Wallis 检验判断细菌群落分布差异的显著性。通过聚类分析揭示样本间相似性的相对大小,采用组间和欧式距离方法,由 SPSS 13.0 软件分析。

2 结果与分析

2.1 细菌群落分布

图 1 显示了 6 个样本经 Hae III 和 Msp I 酶切后的图谱,由图谱可知 6 个样本的 TRFs 片段大小和相对丰度存在差异。图 2 是以每个 TRF 相对丰度大小进行排序的结果,2 种酶切的排序结果大体一致,分别检测到 9—87 个 TRFs,和 15—89 个 TRFs, Kruskal-Wallis 检验表明 6 个样品间存在极显著差异($P=0.0000$)表明各样



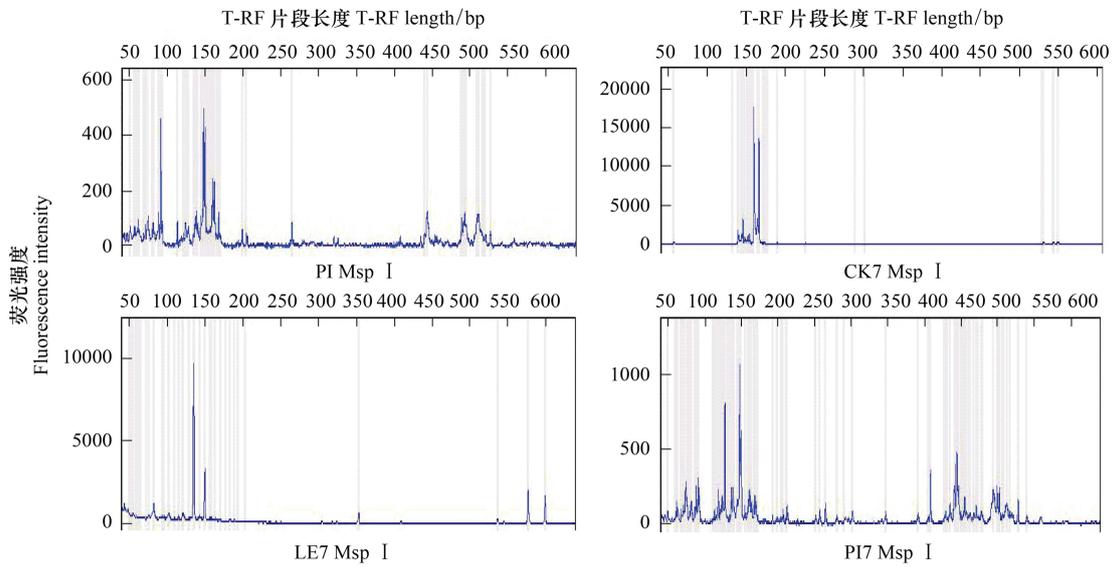


图1 旱直播条件下不同化感潜力水稻根际土壤细菌 Hae III 和 Msp I 酶切图谱

Fig. 1 T-RFLP profile of the bacterial community digestion by Hae III & Msp I in the rhizospheric soils of different rice under dry paddy field cultivation conditions

PI7: 旱直播模式下七叶期强化感水稻 PI312777 根际土壤; LE7: 旱直播模式下七叶期弱化感水稻 Lement 根际土壤; CK7: 旱直播模式下七叶期稻田对照土壤; PI5: 旱直播模式下五叶期强化感水稻 PI312777 根际土壤; LE5: 旱直播模式下五叶期弱化感水稻 Lement 根际土壤; CK5: 旱直播模式下五叶期稻田对照土壤

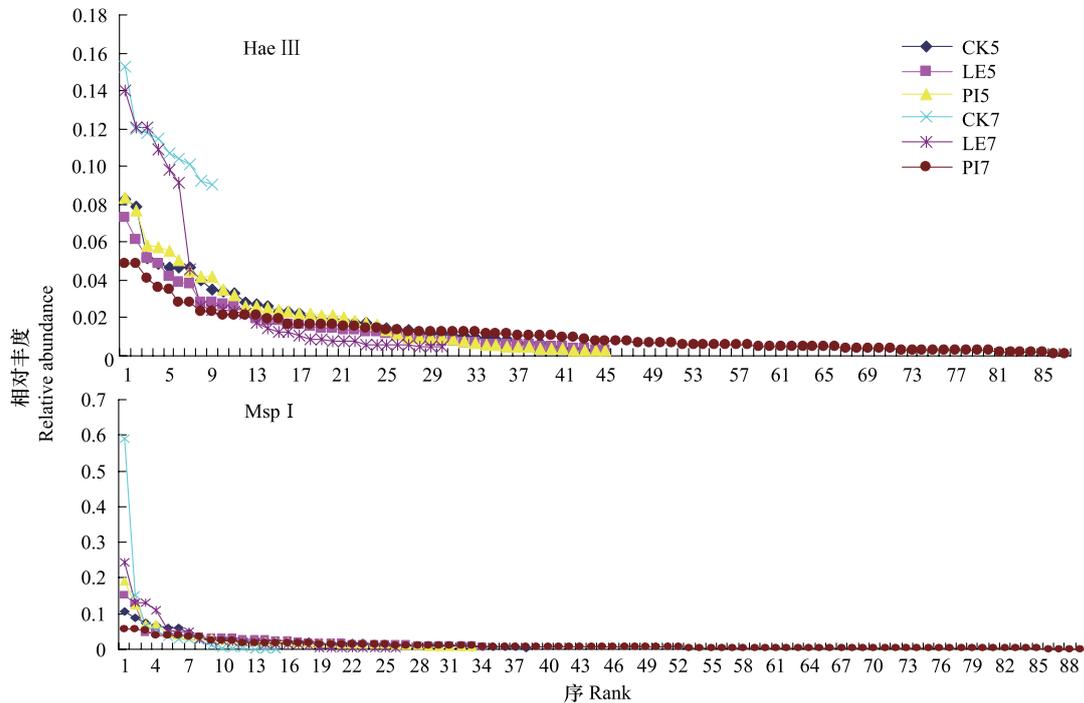


图2 基于 TRLP 数据的细菌群落数量序列曲线

Fig. 2 Rank-abundance plots of the TRLP profiles of the bacteria communities

y 轴表示每个 TRF 的相对丰度, x 轴表示 TRFs 按丰度由大至小排列所产生的序秩

本的微生物的相对丰富度存在极显著差异。6 个样本中 CK7 下降最陡, 表明其均匀度最低, PI7 下降最缓, 横坐标延伸最长, 表明其均匀度最高, 物种丰富度最高, 超过其它样品 40 多个 TRF。

2.2 细菌群落物种多样性分析

用物种丰富度、香隆指数、Pillow 指数、均匀度指数衡量细菌群落物种多样性,表明在 Hae III 酶切片断中,均匀度指数与其它指数均无相关性,其它指数之间均存在显著或极显著相关性,都能表征相同的生态学意义;在 Msp I 酶切片断中,香隆指数与其它多样性指数间均存在显著或极显著相关性,可用于表征细菌群落物种多样性(表 1,表 2)。综合 2 个酶切的结果,以香隆指数表征细菌群落的多样性,Hae III 酶切片断中 6 个样本间香隆指数的大小为:PI7>CK5>PI5>LE5>LE7>CK7, Msp I 酶切片断中 6 个样本间香隆指数的大小为:PI7>CK5>LE5>PI5>LE7>CK7,2 种酶切片断中 PI7 的香隆指数均大于 4,远大于其它样本。

表 1 细菌群落物种多样性相关性分析

Table 1 Species diversity indices in the bacterial communities

处理 Treatments	多样性指数 Diversity index							
	Hae III				Msp I			
	S	H'	1-D	E	S	H'	1-D	E
CK5	45	3.50	0.96	0.92	38	3.30	0.95	0.91
LE5	45	2.98	0.97	0.78	34	3.20	0.94	0.91
PI5	45	3.44	0.96	0.90	33	3.04	0.93	0.87
CK7	9	2.19	0.89	0.99	15	1.46	0.62	0.54
LE7	30	2.78	0.91	0.82	26	2.53	0.88	0.78
PI7	87	4.15	0.98	0.93	89	4.07	0.98	0.91

表 2 细菌群落物种多样性指数之间的相关性分析

Table 2 Correlation coefficients among species indices in bacterial communities

	Hae III				Msp I			
	S	H'	1-D	E	S	H'	1-D	E
S	1				1			
H'	0.950**	1			0.844*	1		
1-D	0.849*	0.855*	1		0.609	0.928**	1	
E	0.105	0.008	0.345	1	0.578	0.925**	0.986**	1

2.3 聚类分析和主成分分析

以 2 种酶切所得的 TRFs 的相对丰度作为变量,利用欧式距离进行聚类分析所得的聚类图大体一致,图 3 显示的是以 Hae III 酶切片断中 TRFs 聚类得到的图片:若以 5 欧式距离对样本进行聚类,6 个样本被聚为 4 类,其中 5 叶期的 3 个样本聚为一类,相似度最高,7 叶期的 3 个样本各聚为一类,与 5 叶期的 3 个样本距离最近的是 PI7,与所有样本差异性最大的是 CK7。主成分分析显示了与聚类分析相同的趋势。主成分 I 和 II 解释了 Hae III 酶切片断中 58.9% 的变异,其中 5 叶期的 3 个样本未被主成分 I 和主成分 II 分开,表明 3 个样本间的相似程度较大,而 7 叶期的 CK7 和 LE7 被主成分 I 分开,PI7 与 CK7 和 LE7 既被主成分 I 分开也被主成分 II 分开(图 4),Msp I 酶切片断的主成分分析与 Hae III 相似(图 4),表明水稻品种在生育前期(5 叶期以前)对土壤微生物群落的组成影响不大,5 叶期以后土壤微生物既受水稻生育期的影响,也受水稻品种的影响。

2.4 化感水稻 7 叶期根际土壤特异细菌群落功能分析

图 1、图 2、表 1 都表明 7 叶期的化感水稻根际微生物的物种丰富性最高,表 3 显示了 PI7 特有的有 34 个菌种。在 34 个菌种中有 6 个属于粘细菌目,分别为 *Chondromyces crocatus* str(粒杆粘细菌属)、*Cystobacter fuscus* ATCC 25194 (T) (孢囊杆菌属)、*Angiococcus disciformis* ATCC 33172 (T) (囊球菌属)、*Polyangium cellulorum* subsp. *Ferrugineum* str. SMP 456 ATCC 25531(多囊菌属)、*Polyangium* sp. str. P1 4943(多囊菌属)、*Stigmatella aurantiaca* ATCC 25190 (T) (标桩菌属)、*Archangium gephyra* ATCC 25201 (T) (原囊菌属);此外,

还有一些其它滑行细胞,如屈挠杆菌属海滨屈挠杆菌;与氮固定有关红假单孢菌属、红微菌属、芽绿菌属的绿芽菌,与硝酸盐利用相关的贝扎托菌属;降解多糖的地神菌属、降解饱和脂肪酸的共养生孢菌属;4株纤发菌属的细菌;与硫酸盐还原相关的 *desulforholpalus*;嗜甲基的甲基细菌属;其它功能不太清楚的菌株有: *Antithamnion*、*Marchantia*、*Carnococcus*、迪茨氏菌属、*Methylosporovbrio*、立克次体属、弧菌属、产丙酸菌属、浮霉菌属、席兰细菌属、布鲁氏菌属、束毛球菌属、全孢菌属。

表3 早播模式下强化感水稻根际微生物特有菌属

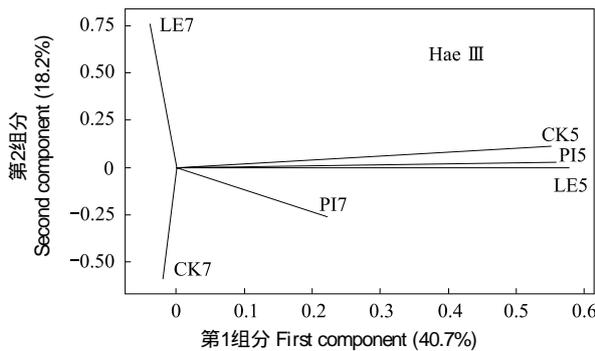


图4 基于 TRLP 数据的细菌群落主成分分析

图4 Analysis of principal component (PC) based on the TRFLP profile

a: Hae III; b: Msp I

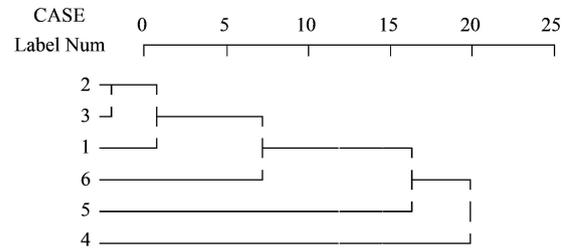


图3 基于 TRFLP(Hae III) 结果的细菌群落聚类分析

Fig 3 The cluster analysis of TRFLP (Hae III)

以 TRF 的相对丰度为数据,数据未经转化,采用欧式距离法作图
1:CK5;2:LE5;3:PI5;4:CK7;5:LE7;6:PI7

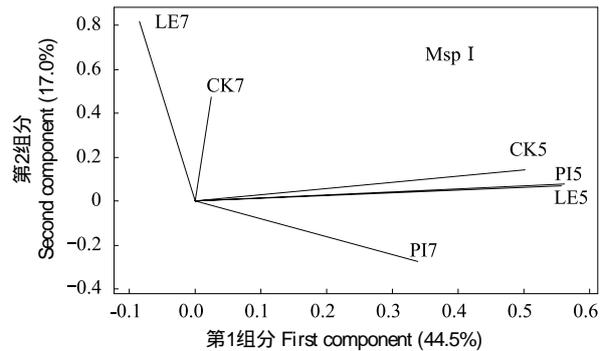


Table 3 The special genera of the rizosphere microorganism in the strong allelopathic rice varieties under dry paddy field

TRF 长度(bp)TRF size (bp)		细菌属 Bacterial genera	TRF 长度(bp)TRF size (bp)		细菌属 Bacterial genera
Hae III	Msp I		Hae III	Msp I	
227	491	Antithamnion	219	79	地神菌属
215	154	Carnococcus	191	161	红微菌属
215	154	束毛球菌属	218	207	浮霉菌属
215	135	纤发菌属(4)	209	298	共养生孢菌属
191	148	Methylosporovbrio	205	495	弧菌属
227	439	红假单孢菌属	326	492	屈挠杆菌属
227	439	芽绿菌属	69	444	甲基细菌属
189	492	贝扎托菌属	193	495	立克次体属
233	445	全孢菌属	75	78	粒杆粘细菌属
188	398	布鲁氏菌属	201	158	孢囊杆菌属
257	470	弯曲菌属	201	158	囊球菌属
191	126	Desulforhopalus	201	158	原囊菌属
67	199	产丙酸菌属	201	444	标桩菌属
67	149	迪茨氏菌属	75	78	多囊菌属(2)
294	469	席兰细菌属			
303	502	Marchantia			

1:TRF 长度指细菌 16S rDNA 序列分别被 Hae III 和 Msp I 两种内切酶切后的末端片段长度; 2:菌属后面的数字指末端片段经过数据库比对后匹配率超过 98% 且属于同一个属的菌株的数量

3 讨论

本文分析了两种不同栽培模式下不同化感潜力的水稻根际微生物群落组成差异,并对特异微生物功能作了相关分析,结果表明:2种酶切的 TRFs 排序结果大体一致,分别检测到 9—87 个 TRFs,和 15—89 个 TRFs,

各个样本的 TRFs 排序间存在极显著差异,表明各样本的微生物的相对丰富度存在极显著差异。旱作条件下强弱化感潜力水稻在生育前期(5 叶期以前)根际微生物群落的组成与结构相似性较大,而 7 叶期强弱化感水稻及对照之间微生物群落差异较大,表明 5 叶期以后水稻根际微生物的组成既受生育期的影响又受水稻品种的影响。7 叶期的化感水稻根际呈现最大物种丰富度和香隆-威尔指数多样性,在其特有的 34 的属中有 7 个属于粘细菌目,另外还有一些滑行菌和一些与氮循环相关的细菌。

土壤微生物在植物化感作用中的作用受到了越来越多研究者的注意。对于根际微生物对化感水稻的响应,研究者意见不一。胡开辉等认为化感水稻对根际的微生物有刺激效应^[9],林瑞余等认为土壤微生物总量与水稻品种密切相关,化感水稻 PI312777 的根际微生物量总量高于非化感水稻 Lemont^[8],孔垂华认为化感水稻 PI312777 与普通水稻根系周围微生物量碳无显著差异^[12],与上述文献中涉及的氯仿熏蒸、室内培养计数和 BIOLOG 等基于微生物总量的土壤微生物研究的方法不同,本文运用分子生物学手段(T-RFLP 技术)对于揭示土壤根际微生物的组成具有一定的优势:可以揭示微生物的系统发生和相对含量^[14],本文的研究结果表明:7 叶期的根际微生物既受水稻品种的影响,又受生育期的影响。前人的研究表明作物根际微生物群落会随着植物生育期和季节的变化而呈现动态变化,如水稻^[15-16],豌豆、小麦、甜菜^[17]、大豆^[18],不同植物的根际微生物组成也不同^[19-22],这种动态性体现了植物与根际微生物之间的反馈调节,土壤微生物在种间和种内水平上响应不同的植物种群^[19]。植物对微生物的调节可能与不同物种、不同生育期所分泌的有机物相关^[23]。本文中 5 叶期的 3 个样本间的欧式距离较近,且主成分 I 和 II 均未将其分开,可能由于水稻生育前期处于光合产物的积累阶段,根系分泌物较少,从而导致水稻样本与空白之间的微生物组成相似性较高。

在化感水稻 P12777 7 叶期的 34 个属特异性 TRFs 中,有 7 个 TRF 被鉴定为粘细菌,粘细菌的最突出的特征是基因组在原核生物中是最大的,约为 9454—10010 kb,大量的奢侈基因产生丰富的次级代谢产物,且具有广泛的抗真核细胞生物活性^[24-25]。本文中的几个属对真核生物的细胞均有显著的抑制作用,主要表现为抑制呼吸链电子传递和细胞的有丝分裂,如 *Chondromyces crocatus* str(粒杆粘细菌属)的 3 种菌株(Cm c2, Cm c3, Cm c5)分泌细胞毒素 chondramides A-D^[26], chondramides 是一种对细胞高毒性的环肽,通过干扰细胞骨架结构肌动蛋白(actin),对酵母和哺乳动物的细胞发育与分裂具有强烈的抑制作用^[27]。*Chondromyces crocatus* 属的 7 种菌株均与鞘氨醇单胞菌属共生^[28],鞘氨醇单胞菌属分布广泛,是本文所有样本中的共有菌株。原囊菌属 *Archangium gephyra* 代谢的 Argryrin A 通过抑制肿瘤细胞蛋白酶 p27^{kip1} 的活性而抑制肿瘤细胞的生长^[29],标桩菌属和原囊菌属代谢的 Aurafuron A 和 Aurafuron B 是一种活性多肽,能抑制丝状真菌和老鼠纤维原细胞的生长^[30]。由此可见,对于粘细菌次生代谢产生活性的研究目前主要集中在粘细菌的抗菌性,抗肿瘤细胞的活性,还未见土壤中粘细菌影响植物群落多样性的相关报道。植物与土壤微生物之间存在相互作用^[19],不同的植被影响土壤微生物群落的组成,而不同的微生物组成也直接影响植物群落的产量、多样性和植物群落的结构^[31]。本文所检测到的粘细菌可能在旱作条件下水稻的化感作用潜力增强,抑制伴生杂草种子的萌发、降低杂草密度中发挥重要作用。将粘细菌开发成为除草剂在 20 世纪 80 年代就见报道^[32],近年的综述也有提及^[33],但是水稻根际中粘细菌的研究很少,且主要针对厌氧粘细菌的异化铁还原能力^[34-36]。粘细菌在环境中也普遍存在,但其相对含量往往在 2000—450000 个/g 土之间,相对含量的变化主要受生境和其伴生菌的影响,在腐烂的植物材料上易发现^[37],本文中在其它样本未检测到粘细菌可能与其相对含量较低有关。

粘细菌对化感水稻的响应涉及粘细菌子实体中粘孢子的萌发。粘细菌在原核生物中生活史最为复杂,当受到胁迫时,具有社会行为的营养细胞聚集为休眠状态的子实体,子实体具有较强的抗逆能力,当外界环境合适时,粘孢子萌发,继而发育成为营养细胞^[38]。关于子实体形成和粘孢子萌发的机理所知不多,已有研究表明在丙三醇^[38-39]、吡啶及其衍生物的诱导下营养细胞聚集形成子实体^[40]、Ca²⁺和 CTT(由多种蛋白质组成的培养基)^[41]、Mg²⁺和酪胺(Casitone)^[42]的诱导下数小时内粘孢子萌发形成营养细胞。化感水稻对粘细菌的诱导作用可能与其根系分泌物有关。

References:

- [1] Callaway R M, Ridenour W M. Novel weapons: invasive success and the evolution of increased competitive ability. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2004, 2(8): 436-443.
- [2] Bais HP, Vepachedu R, Gilroy S, Callaway R M, Vivanco J M. Allelopathy and exotic plant invasion: from molecules and genes to species interactions. *Science*, 2003, 301(5638): 1377-1380.
- [3] Kaur H, Kaur R, Kaur S, Baldwin I T. Inderjit Taking ecological function seriously: soil microbial communities can obviate allelopathic effects of released metabolites. *PLoS one*, 2009, 4(3): e4700.
- [4] Hoagland L, Carpenter-Boggs L, Reganold J P, Mazzola M. Role of native soil biology in Brassicaceous seed meal-induced weed suppression. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(7): 1689-1697.
- [5] Gimsing A L, Blum J, Dayan F E, Locke M A, Sejer L H, Jacobsen C S. Mineralization of the allelochemical sorgoleone in soil. *Chemosphere*, 2009, 76: 1041-1047.
- [6] Barto E K, Cipollini D. Half-lives and field soil concentrations of *Alliaria petiolata* secondary metabolites. *Chemosphere*, 2009, 76: 71-75.
- [7] Zhang Z Y, Pan L P, Li H H. Isolation, identification and characterization of soil microbes which degrade phenolic allelochemicals. *Journal of Applied Microbiology*, 2010, 108(5): 1839-1849.
- [8] Lin R Y, Rong H, Yu C P, Ye C Y, Chen L C, Lin W X. Impact of rice seedling allelopathy on rhizospheric microbial populations and their functional diversities. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(9): 3644-3655.
- [9] Hu K H, Lou Q G, Wang S H, Lin X, Lin W X. Effects of allelopathic rice on rhizosphere microbial flora and enzyme activity. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2006, 17(6): 1060-1064.
- [10] Zhao H, Gu Y, Kong C H. Effect of allelopathic rice (*Oryza sativa* L.) variety on soil microbial communities. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(8): 2770-2773.
- [11] Kong C H, Wang P, Zhao H, Xu X H, Zhu Y D. Impact of allelochemical exuded from allelopathic rice on soil microbial community. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(7): 1862-1869.
- [12] Li H B, Kong C H. Changes of microbial biomass carbon and enzyme activities in rice-barnyard grass coexisted soils. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2008, 19(10): 2234-2238.
- [13] Li J M, Jin Z X. A highly effective extraction method for PCR analysis of soil microbial DNA. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2006, 17(11): 2107-2111.
- [14] Ge Y Y, Chen S, Hu L, Tu Z. A new method of soil bacterial DNA extraction and T-RFLP analysis for diversity. *Microbiology*, 2008, 35(1): 131-136.
- [15] Zeng L S, Liao M, Huang C Y, Luo Y K, Xue D. Variation of soil microbial biomass and enzyme activities at different developmental stage in rice. *Chinese Journal of Rice Science*, 2005, 19(5): 441-446.
- [16] Hussain Q, Pan G X, Liu Y Z, Zhang A, Li L Q, Zhang X H, Jin Z J. Microbial community dynamics and function associated with rhizosphere over periods of rice growth. *Plant Soil Environment*, 2012, 58(2): 55-61.
- [17] Houlden A, Timms-Wilson T M, Day M J, Bailey M J. Influence of plant developmental stage on microbial community structure and activity in the rhizosphere of three field crops. *FEMS Microbiology Ecology*, 65: 193-201.
- [18] Xu Y X, Wang G H, Jin J, Liu J J, Zhang Q Y, Liu X B. Bacterial communities in soybean rhizosphere in response to soil type, soybean genotype, and their growth stage. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41: 919-925.
- [19] Schweitzer J A, Bailey J K, Fischer D G, Leroy C J, Lonsdorf E V, Whitham T G, Hart S C. Plant-soil-microorganism interactions: heritable relationship between plant genotype and associated soil microorganisms. *Ecology*, 89(3): 773-781.
- [20] Chen Y, Li X X, Ying J Y, Liang C Z, Bai Y F. Effects of plants functional groups and plant species on soil microbial composition in an inner Mongolian grassland. *Biodiversity Science*, 2012, 20(1): 56-65.
- [21] Wang Y C, Chen Q, Lin C W, Li H. Microbial features of sloping farmland soil in calcareous purple area affected by different hedgerows treatments in Sichuan basin. *Soils*, 2012, 44(1): 73-77.
- [22] Zhao Q J. Study on the soil microbial diversity in the running constructed wetland cultivated with four plants. *Journal of Shanghai Jiaotong University (Agricultural Science)*: 2011, 29(3): 47-52.
- [23] Chen L C, Liao L P, Wang S L, Xiao F M. A review for research of root exudates ecology. *Chinese Journal of Ecology*, 2002, 21(6): 57-62.
- [24] Li Y Z, Li J, Zhou L, Zhang Y, Hu W, Chen Q. Isolation and identification of *Myxobacteria*. *Acta Microbiologica*, 2000, 40(6): 652-656.
- [25] Liu X L, Li Y Z. Myxobacterial secondary metabolites and their potential applications in agriculture. *Journal of Agricultural Science and*

- Technology, 2007, 9(3): 44-51.
- [26] de Oliveira L G, Dias L C, Rosso G B. Síntesis totais das crocacinas A, C e D: novos antibióticos isolados de *Chondromyces crocatus* e *Chondromyces pediculatus*. Química Nova, 2008, 31(4): 854-871.
- [27] Sasse F, Kunze B, Gronewold T M, Reichenbach H. The chondramides; cytostatic agents from myxobacteria acting on the actin cytoskeleton. Journal of the National Cancer Institute, 1998, 90(20): 1559-1563.
- [28] Jacobi C A, Reichenbach H, Tindali B J, Stackebrandt E. "Candidatus comitans," a bacterium living in coculture with *Chondromyces crocatus* (Myxobacteria). International Journal of Systematic Bacteriology, 1996, 46(1): 119-122.
- [29] Nickeleit I, Zender S, Sasse F, Geffers R, Brandes G, Sörensen I, Steinmetz H, Kubicka S, Carlomagno T, Menche D, Gütgemann I, Buer J, Gossler A, Manns M P, Kalesse M, Frank R, Malek N P. Argyrin a reveals a critical role for the tumor suppressor protein p27kip1 in mediating antitumor activities in response to proteasome inhibition. Cancer Cell, 2008, 14(1): 23-35.
- [30] Kunze B, Reichenbach H, Müller R, Höfle G. Aurafuron A and B, new bioactive polyketides from *Stigmatella aurantiaca* and *Archangium gephyra* (Myxobacteria). Fermentation, isolation, physico-chemical properties, structure and biological activity. The Journal of Antibiotics, 2005, 58(4): 244-251.
- [31] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. Ecology Letters 2008, 11:296-310.
- [32] Reichenbach H, Gerth K, Irschik H, Kunze B, Höfle G. Myxobacteria: a source of new antibiotics. Trends in Biotechnology, 1998, 6(6): 151-121.
- [33] Liu X L, Li Y Z. Myxobacterial secondary metabolites and their potential applications in agriculture. Journal of Agricultural Science and Technology, 2007,9(3): 44-51.
- [34] Xia S H, You J H, Wang B L, Qu D. Effect of flooding time on Anaeromyxobacter community structure in paddy soil. Journal of Agricultural Biotechnology, 2011, 19(5): 793-800
- [35] Zhu C, Stefan R, Qu D, Sylvia S. Effects of short-term flooding on *Geobacteraceae* spp. and *Anaeromyxobacter* spp. abundance in paddy soil. Journal of Agricultural Biotechnology, 2011,19, (5): 793-800.
- [36] Hori T, Noll M, Igarashi Y, Friedrich M W, Conrad R. Identification of acetateassimilating microorganisms under methanogenic conditions in anoxic rice field soil by comparative stable isotope probing of RNA, Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(1): 101-109.
- [37] Dawid W. Biology and global distribution of myxobacteria in soils. FEMS Microbiology Review, 2000, 24, 403-427.
- [38] Shimkets L, Seale T W. Fruiting-body formation and myxospore differentiation and germination in *Mxyococcus xanthus* viewed by scanning electron microscopy. Journal of Bacteriology, 1975, 121(2): 711-720.
- [39] Kottel R, White D. Autolytic activity associated with myxospore formation in *Myxococcus xanthus*. Archives of Microbiology, 1974, 95(1): 91-95.
- [40] Gerth K, Metzger R. Reichenbach H. Induction of myxospores in *Stigmatella aurantiaca* (myxobacteria): inducers and inhibitors of myxospore formation, and mutants with a changed sporulation behaviour. Journal of General Microbiology, 1993, 139: 865-871.
- [41] Elías M, Murillo F J. Induction of germination in *Myxococcus xanthus* fruiting body spores. Journal of General Microbiology, 1991, 137: 381-388.
- [42] Otani M, Inouye M, Inouye S. Germination of myxospores from the fruiting bodies of *Myxococcus xanthus*. Journal of Bacteriology, 1995, 177(15): 4261-4265.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 32, No. 19 October, 2012 (Semimonthly)

CONTENTS

Assessment of monitoring methods for population abundance of Amur tiger in Northeast China ZHANG Changzhi, ZHANG Minghai, JIANG Guangshun (5943)

Changes of residents nitrogen consumption and its environmental loading from food in Xiamen YU Yang, CUI Shenghui, ZHAO Shengnan, et al (5953)

Analysis of the meiobenthic community in the Pearl River Estuary in summer YUAN Qiaojun, MIAO Suying, LI Hengxiang, et al (5962)

Community characteristics of phytoplankton in the coastal area of Leizhou Peninsula and their relationships with primary environmental factors in the summer of 2010 GONG Yuyan, ZHANG Caixue, SUN Xingli, et al (5972)

Morphological differences in statolith and beak between two spawning stocks for *Illex argentinus* FANG Zhou, CHEN Xinjun, LU Huajie, et al (5986)

Relationships between coastal meadow distribution and soil characteristics in the Yellow River Delta TAN Xiangfeng, DU Ning, GE Xiuli, et al (5998)

Variation analysis about net primary productivity of the wetland in Panjin region WANG Liwen, WEI Yaxing (6006)

Mobilization of potassium from Soils by *rhizobium phaseoli* ZHANG Liang, HUANG Jianguo, HAN Yuzhu, et al (6016)

Autotoxicity of aqueous extracts from plant, soil of peanut and identification of autotoxic substances in rhizospheric soil HUANG Yuqian, HAN Lisi, YANG Jinfeng, et al (6023)

Effects of shading on the photosynthetic characteristics and anatomical structure of *Trollius chinensis* Bunge LV Jinhui, WANG Xuan, FENG Yanmeng, et al (6033)

Short-term effects of fire disturbance on greenhouse gases emission from sedge and shrubs forested wetland in Lesser Xing'an Mountains, Northeast China GU Han, MU Changcheng, ZHANG Bowen, et al (6044)

Plant species diversity and community classification in the southern Gurbantunggut Desert ZHANG Rong, LIU Tong (6056)

Effects of mixing leaf litter from *Pinus sylvestris* var. *mongolica* and *Larix principis-rupprechtii* with that of other trees on soil properties in the Loess Plateau LI Qian, LIU Zengwen, MI Caihong (6067)

Effects of long-term intensive management on soil ammonia oxidizing archaea community under *Phyllostachys praecox* stands QIN Hua, LIU Borong, XU Qiufang, et al (6076)

Hydrogen peroxide participates symbiosis between AM fungi and tobacco plants LIU Hongqing, CHE Yongmei, ZHAO Fanggui, et al (6085)

Relationships between dominant arbor species distribution and environmental factors of shelter forests in the Beijing mountain area SHAO Fangli, YU Xinxiao, ZHENG Jiangkun, et al (6092)

Analysis of rhizosphere microbial community structure of weak and strong allelopathic rice varieties under dry paddy field XIONG Jun, LIN Huifeng, LI Zhenfang, et al (6100)

Root distribution in the different forest types and their relationship to soil properties HUANG Lin, WANG Feng, ZHOU Lijiang, et al (6110)

Effect of silicon application on antioxidant system, biomass and yield of soybean under ozone pollution ZHAN Lijie, GUO Liyue, NING Tangyuan, et al (6120)

Effect of landfill leachate irrigation on soil physiochemical properties and the growth of two herbaceous flowers WANG Shuqin, LAI Juan, ZHAO Xiulan (6128)

Nitrous oxide emissions affected by tillage measures in winter wheat under a rice-wheat rotation system ZHENG Jianchu, ZHANG Yuefang, CHEN Liugen, et al (6138)

Effects of different fertilizers on soil enzyme activities and CO₂ emission in dry-land of maize ZHANG Junli, GAO Mingbo, WEN Xiaoxia, et al (6147)

The response of agro-ecosystem productivity to climatic fluctuations in the farming-pastoral ecotone of northern China: a case study in Zhunger County SUN Tesheng, LI Bo, ZHANG Xinshi (6155)

The relationship between energy consumption and carbon emission with economic growth in Liaoning Province KANG Wenxing, YAO Lihui, HE Jienan, et al (6168)

Spatial distribution characteristics of potential fire behavior in Fenglin Nature Reserve based on FARSITE Model WU Zhiwei, HE Hongshi, LIANG Yu, et al (6176)

Chill conservation of natural enemies in maize field with different post-crop habitats TIAN Yaojia, LIANG Guangwen, ZENG Ling, et al (6187)

Effect of population of *Kerria yunnanensis* on diversity of ground-dwelling ant LU Zhixing, CHEN Youqing, LI Qiao, et al (6195)

Response of *Parnassius apollo* population and vertical distribution to climate warming YU Fei, WANG Han, WANG Shaokun, et al (6203)

Review and Monograph

Integrated assessment of marine aquaculture ecosystem health: framework and method PU Xinming, FU Mingzhu, WANG Zongling, et al (6210)

Seagrass meadow ecosystem and its restoration: a review PAN Jinhua, JIANG Xin, SAI Shan, et al (6223)

Nutri-toxicological effects of cyanobacteria on fish DONG Guifang, XIE Shouqi, ZHU Xiaoming, et al (6233)

Effect of environmental stress on non-structural carbohydrates reserves and transfer in seagrasses JIANG Zhijian, HUANG Xiaoping, ZHANG Jingping (6242)

Advances in ecological immunology XU Deli, WANG Dehua (6251)

Scientific Note

The causes of spatial variability of surface soil organic matter in different forests in depressions between karst hills SONG Min, PENG Wanxia, ZOU Dongsheng, et al (6259)

Characteristics of seed rain of *Haloxylon ammodendron* in southeastern edge of Junggar Basin LU Chaoyan, ZHANG Ximing, LIU Guojun, et al (6270)

《生态学报》2013 年征订启事

《生态学报》是中国生态学学会主办的生态学专业性高级学术期刊,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,300 页,国内定价 90 元/册,全年定价 2160 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 19 期 (2012 年 10 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 19 (October, 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:100071 电话:(010)64034563 E-mail: journal@espg.net	Distributed by	Science Press Add: 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel: (010)64034563 E-mail: journal@espg.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