

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第33卷 第2期 Vol.33 No.2 **2013**

中国生态学会
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 33 卷 第 2 期 2013 年 1 月 (半月刊)

目次

前沿理论与学科综述

- 岩溶山区水分时空异质性及植物适应机理研究进展..... 陈洪松, 聂云鹏, 王克林 (317)
- 红树林植被对大型底栖动物群落的影响 陈光程, 余 丹, 叶 勇, 等 (327)
- 淡水湖泊生态系统中砷的赋存与转化行为研究进展..... 张 楠, 韦朝阳, 杨林生 (337)
- 纳米二次离子质谱技术(NanoSIMS)在微生物生态学研究中的应用 胡行伟, 张丽梅, 贺纪正 (348)
- 城市系统碳循环: 特征、机理与理论框架 赵荣钦, 黄贤金 (358)
- 城市温室气体排放清单编制研究进展..... 李 晴, 唐立娜, 石龙宇 (367)

个体与基础生态

- 科尔沁沙地家榆林的种子散布及幼苗更新..... 杨允菲, 白云鹏, 李建东 (374)
- 环境因子对木棉种子萌发的影响 郑艳玲, 马焕成, Scheller Robert, 等 (382)
- 五花米草与短叶荳蔻落物分解过程中碳氮磷化学计量学特征 欧阳林梅, 王 纯, 王维奇, 等 (389)
- 性别、季节和体型大小对吐鲁番沙虎巢域的影响 李文蓉, 宋玉成, 时 磊 (395)
- 遮蔽行为对海刺猬摄食、生长和性腺性状的影响..... 罗世滨, 常亚青, 赵 冲, 等 (402)
- 水稻和玉米苗上饲养的稻纵卷叶螟对温度的反应 廖怀建, 黄建荣, 方源松, 等 (409)

种群、群落和生态系统

- 亚热带不同林分土壤表层有机碳组成及其稳定性 商素云, 姜培坤, 宋照亮, 等 (416)
- 禁牧条件下不同类型草地群落结构特征 张鹏莉 陈 俊 崔树娟, 等 (425)
- 高寒退化草地狼毒与赖草种群空间格局及竞争关系 任 珩, 赵成章 (435)
- 小兴安岭 4 种典型阔叶红松林土壤有机碳分解特性 宋 媛, 赵溪竹, 毛子军, 等 (443)
- 新疆富蕴地震断裂带植被恢复对土壤古菌群落的影响 林 青, 曾 军, 张 涛, 等 (454)
- 长期施肥对紫色土农田土壤动物群落的影响 朱新玉, 董志新, 况福虹, 等 (464)
- 潮虫消耗木本植物凋落物的可选择性试验 刘 燕, 廖允成 (475)
- 象山港网箱养殖对近海沉积物细菌群落的影响 裘琼芬, 张德民, 叶仙森, 等 (483)
- 2005 年夏季东太平洋中国多金属结核区小型底栖生物研究 王小谷, 周亚东, 张东声, 等 (492)
- 川西亚高山典型森林生态系统截留水文效应 孙向阳, 王根绪, 吴 勇, 等 (501)

景观、区域和全球生态

- 中国水稻生产对历史气候变化的敏感性和脆弱性 熊 伟, 杨 婕, 吴文斌, 等 (509)
- 1961—2005 年东北地区气温和降水变化趋势 贺 伟, 布仁仓, 熊在平, 等 (519)
- 地表太阳辐射减弱和臭氧浓度增加对冬小麦生长和产量的影响 郑有飞, 胡会芳, 吴荣军, 等 (532)

资源与产业生态

- 基于环境卫星数据的黄河湿地植被生物量反演研究 高明亮, 赵文吉, 官兆宁, 等 (542)
- 黄土高原南麓县域耕地土壤速效养分时空变异 陈 涛, 常庆瑞, 刘 京, 等 (554)

不同水稻栽培模式下小麦秸秆腐解特征及对土壤生物学特性和养分状况的影响..... 武 际,郭熙盛,鲁剑巍,等 (565)

施氮时期对高产夏玉米光合特性的影响 吕 鹏,张吉旺,刘 伟,等 (576)

城乡与社会生态

城市景观组分影响水质退化的阈值研究 刘珍环,李正国,杨 鹏,等 (586)

长株潭地区生态可持续性 戴亚南,贺新光 (595)

外源 NO 对镉胁迫下水稻幼苗抗氧化系统和微量元素积累的影响 朱涵毅,陈益军,劳佳丽,等 (603)

达里诺尔湖沉积物中无机碳的形态组成 孙园园,何 江,吕昌伟,等 (610)

绿洲土 Cd、Pb、Zn、Ni 复合污染下重金属的形态特征和生物有效性 武文飞,南忠仁,王胜利,等 (619)

柠檬酸和 EDTA 对铜污染土壤环境中吊兰生长的影响 汪楠楠,胡 珊,吴 丹,等 (631)

研究简报

海州湾生态系统服务价值评估 张秀英,钟太洋,黄贤金,等 (640)

内蒙古羊草群落、功能群、物种变化及其与气候的关系 谭丽萍,周广胜 (650)

氮磷供给比例对长白落叶松苗木磷素吸收和利用效率的影响 魏红旭,徐程扬,马履一,等 (659)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 352 * zh * P * ¥90.00 * 1510 * 38 * 2013-01



封面图说: 科尔沁沙地榆树——榆树疏林草原属温带典型草原地带,适应半干旱半湿润气候的隐域性沙地顶级植物群落,具有极强的适应性、稳定性,生物产量较高。在我国仅见于科尔沁沙地和浑善达克沙地。是防风固沙、保护沙区生态环境和周边土地资源的一种重要的植物群落类型,是耐旱沙生植物的重要物种基因库和荒漠野生动物的重要避难所和栖息地。这些年来,由于人类毁林开荒、过度放牧、甚至片面地建立人工林群落等的干扰,不同程度地破坏了榆树疏林的生态环境,影响了其特有的生态作用。

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

DOI: 10.5846/stxb201112051861

裘琼芬, 张德民, 叶仙森, 郑珍珍. 象山港网箱养殖对近海沉积物细菌群落的影响. 生态学报, 2013, 33(2): 0483-0491.

Qiu Q F, Zhang D M, Ye X S, Zheng Z Z. The bacterial community of coastal sediments influenced by cage culture in Xiangshan Bay, Zhejiang, China. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(2): 0483-0491.

象山港网箱养殖对近海沉积物细菌群落的影响

裘琼芬^{1,*}, 张德民¹, 叶仙森², 郑珍珍¹

(1. 宁波大学海洋学院, 宁波 315211; 2. 国家海洋局宁波海洋环境监测中心站, 宁波 315012)

摘要:微生物在有机物质分解、能量转移等生物地化循环中起着重要作用, 研究养殖活动对沉积物中微生物多样性的影响对正确评价近海生态系统结构和功能具有重要意义。结合沉积物的理化分析(T 、 pH 、 Eh 和 SO_4^{2-}), 通过 T-RFLP(末端限制性片段长度多态性)分析了象山港网箱养殖对近海不同深度沉积物中细菌群落结构和多样性的影响, 构建了对照区 0—5 cm 沉积物样品的细菌 16S rRNA 基因克隆文库, 并进行了系统发育分析。结果表明, 近海网箱养殖活动不但使象山港沉积物 Eh 、 pH 值等理化性质有所改变, 而且使细菌的群落结构也发生了变化, 变形细菌纲细菌的相对丰度降低, 细菌群落的多样性和均匀度也显著降低, 致使近海沉积物细菌群落由多样性高的稳定结构向多样性降低的不稳定结构转变。

关键词:细菌; 网箱养殖; 沉积物; T-RFLP

The bacterial community of coastal sediments influenced by cage culture in Xiangshan Bay, Zhejiang, China

QIU Qiongfen^{1,*}, ZHANG Demin¹, YE Xiansen², ZHENG Zhenzhen¹

1 School of Marine Science, Ningbo University, Ningbo, Zhejiang 315211, China

2 Ningbo Marine Environmental Monitoring Center, State Ocean Administration, Ningbo, Zhejiang 315012, China

Abstract: Microorganisms play important roles in biogeochemical cycling such as organic matter decomposition and energy transformation. Recently, rapid development of aquaculture has caused a large influx of introduced organic matter into Xiangshan Bay, Zhejiang Province, China. At the same time, many ecological problems have developed in this coastal site. Study of the influence of aquaculture on microbial diversity in sediments is important for the structural and functional assessment of coastal ecosystems. In this paper, sediments in three sites were investigated in July 2011: a control or check site (CK), an intersection site 6—8 km from the aquaculture site (IS), and a cage culture site (AC). As the physicochemical background showed, total organic carbon in those three sites was different. Several physiochemical factors (T , pH , Eh and SO_4^{2-}) were analyzed. The temperatures of sediments in Xiangshan Bay decreased with depth, but remained between 23.0—26.5 °C in the upper 55 cm layer. The pH of sediments was slightly alkaline, but was elevated slightly in the AC site, although all of the sediments had pH values of 7.6—7.9. The effect of aquaculture on SO_4^{2-} was not significant. However, as expected, the measurement of Eh showed sediment in the CK site had the highest oxidation-reduction potential. Following with physiochemical analysis, the structure and diversity of bacterial communities in sediments from Xiangshan Bay were analyzed by Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism (T-RFLP) analysis and cloning/sequencing. Total nucleic acids was extracted from the sediment core. T-RFLP analysis was conducted after amplification of the bacterial 16S rRNA partial gene using a fluorescent primer pair 27-FAM/907R and digestion by *Msp* I

基金项目: 浙江省教育厅科研项目(Y201121499); 宁波大学学科项目(xk111090); 国家 863 资助项目(2012AA092001)

收稿日期: 2011-12-05; 修订日期: 2012-08-03

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: qiuqiongfen@nbu.edu.cn

(C⁺CGG). A bacterial 16S rRNA partial gene clone library was constructed using DNA extracted from the upper 5 cm sediment layer of the CK region, and the phylogenetic relationships were analyzed using the neighbor-joining method in ARB software. Our results revealed sediments from Xiangshan Bay had a highly diverse bacterial community, mainly including *Proteobacteria*, *Firmicutes*, *Gemmatimonadetes*, *Actinobacteria*, *Thermomicrobia*, *Nitrospirae*, *Acidobacteria*, *Fusobacteria*, *Bacteroidetes*, *Planctomycetes* and OP11. *Thermomicrobia* was the most abundant group in all sediments and layers, while the abundance of *Proteobacteria* was elevated in the surface layer of the CK site, making up as much as 23.7% of the clone library. The diversity index H' is an effective method of assessing microbial diversity. In this study, the diversity index H' was calculated based on T-RFLP relative abundance results. Generally, the bacterial diversity indices were CK > IS > AC. Surface layer sediments in the CK site showed the highest bacterial diversity ($H' = 3.83 \pm 0.01$). The lowest diversity ($H' = 3.01 \pm 0.27$) was in the 50—55 cm deep sediment in the AC site. The evenness indices were stable in the CK site (around 0.93), but also decreased in the AC site, especially in deeper layers. In the IS site, both diversity indices and evenness indices were intermediate between the CK and AC sites indicating the cage culture not only changed Eh and pH in sediments in Xiangshan Bay, but also decreased their bacterial diversity and changed the structure of the bacterial community. The bacterial community of coastal sediments was changing from a stable, highly diverse structure to an unstable structure with low diversity. Human activity such as aquaculture imports large amounts of organic matter, which not only modifies natural conditions but also leads to systemic simplification of the bacterial ecosystem. Sustainable and environmental friendly aquaculture methods should be searched for and found.

Key Words: bacteria; cage culture; sediment; T-RFLP

随着世界人口的增长和捕捞渔业的日渐枯竭,水产养殖业快速发展,已成为人类蛋白质的重要来源之一。网箱养殖作为一种高度集约化的养殖模式,具有高产、高效益等特点^[1]。但与此同时,大量养殖废物的输出,使海洋食物链和生态系统遭到了直接或间接的影响^[1-2]。近海是养殖活动的集中地带,海水网箱养殖对环境中的碳、氮、磷、悬浮颗粒、硫化物和营养盐等产生了显著影响^[3]。海水鱼类养殖饵料中估计有 23% 的碳,21% 的氮和 53% 的磷会在养殖环境底部沉积物中积累,对 1 km 以内的环境都会有显著影响^[4]。Yoza 等通过对夏威夷欧胡岛养殖区域沉积物的分析表明,养殖区域有机碳含量比非养殖区高 25%—37%,氮含量比非养殖区高 30%—46%^[5]。此外,有机物质的富集,大大增加了耗氧量^[4],是近海富营养化和氧气缺失的源头之一^[6-7];同时,因养殖活动引入的抗生素类物质^[8-9],已成为水生动物甚至人类健康的重要问题。

微生物的多样性是正确评价海洋生态系统结构和功能的主要组成部分。养殖活动影响了沉积物中微生物多样性,影响了微生物群落的组成和分布,进而扰乱了微生物的生态功能^[10]。Caruso 等发现地中海区域的渔场在存在前后,水体中异养细菌的密度变化不大,而沉积物中异养细菌的密度则显著增加^[11],表明养殖活动对近海环境中微生物的分布存在显著影响。养殖活动对海洋环境中微生物群落的改变反过来对人类的健康又会有决定性的影响(比如:病原菌的传播和抗生素的耐抗)。因此,详细分析微生物多样性是研究人类活动对海洋生态系统影响必不可少的一部分^[2]。

关于养殖活动对沉积物细菌多样性影响的研究还较少,以往沉积物中微生物多样性的研究也多是基于培养技术^[12-14]。但已有的研究表明,分离培养等传统的微生物研究方法只能得到环境中不到 1% 的微生物^[15-16],因此以往对沉积物中微生物的纯培养分析不能真实地反映其中的微生物群落结构,也会导致对沉积物中微生物多样性的认识产生偏差,影响对近海生态系统的正确评价。近年来,基于 16S tag 分析的 454 (Roche) 焦磷酸测序技术的一个反应可以得 40 万到 100 万条序列,包含了足够的信息用于微生物的分类^[17]。这种方法的使用在人类微生物群组和环境微生物群落方面都得到了很多新的结果^[18-19],但成本还较昂贵。T-RFLP 技术是将 RFLP 技术和荧光标记技术相结合后发展的一种较先进的分子生态学方法,是检测操作分类单元(OTUs)的高通量方法,可用于大量样品的检测,并得到数据化的结果,Liu 等^[20]于 1997 年将其首次应

用于微生物群落多样性的研究。该方法灵敏度较高,适于微生物群落多样性中等或更低环境样品的多样性分析,是目前大量环境样品微生物生态分析的主要手段^[21]。

本文结合沉积物的理化分析(T 、 pH 、 Eh 和 SO_4^{2-}),应用 T-RFLP 技术和克隆测序方法对象山港不同区域、不同深度沉积物中细菌的群落结构和多样性进行分析,探讨网箱养殖对沉积物中细菌群落结构的影响。引入多样性指数和均匀度指数的分析方法^[22-24],试图明确由近海网箱养殖引起的细菌群落多样性的变化,及其在不同深度沉积物中的分布规律,以期为全面认识近海沉积物中的生物多样性提供有用的信息。

1 实验方法

1.1 样品采集

沉积物样品于 2011 年 7 月取自浙江省宁波市象山港内 3 个不同区域(图 1):象山港口非养殖区(CK:29°36'11.94"N,121°46'18.00"E)、西沪港口交汇区(IS:29°33'0.66"N,121°44'10.86"E)和西沪港内网箱养殖区(AC:29°32'33.66"N,121°46'6.42"E)。同期,国家海洋局宁波海洋环境监测中心站测定了 3 个区域表层沉积物的总有机碳(TOC)含量、上层水的 TOC 和盐度(表 1)。每个区域布置 3 个平行位点,用底泥采样器在各位点采集深度大于 70 cm 的柱状沉积物,粒径分析表明均为粉砂质粘土(表 1)。将沉积物在原位按深度切割分成 6 层:0—5,5—10,10—15,15—20,20—25,50—55 cm。所有沉积物样品立即用液氮冰冻,带回实验室存于 -20℃。

表 1 样品采集区域的理化背景

Table 1 Physicochemical background of the sediments in sampling sites

项目 Items	对照区(CK) Check site	交汇区(IS) Intersection site	养殖区(AC) Cage culture site
上层水盐度 Salinity in upper layer water	26.89	26.73	26.66
水质 TOC Total organic carbon in water(mg/L)	1.45	1.83	2.05
沉积物 TOC Total organic carbon in sediments/%	0.51	0.53	0.55
粒组含量 Soil fraction	粉砂 Silt/%	47.5	34.8
	粘土 Clay/%	52.5	65.2

1.2 理化分析

采样现场测定沉积物的氧化还原电位(Eh)和温度。氧化还原电位的测定采用带甘汞-铂电极的 PHB-4 便携式酸度计(上海精科),并根据 pH 值通过公式 $Eh = Eh' + (pH - 7) \times 60$ 对实测值 Eh' 进行校正。去离子水浸提沉积物,用 pH 计(上海精科)测得上清液的 pH 值。硫酸盐浓度测定按照 HJ/T342—2007 标准方法进行。

1.3 沉积物总 DNA 的提取

总 DNA 的提取采用 MP 公司的土壤 DNA 提取试剂盒(FastDNA SPIN kit for soil),称取混匀的沉积物核心样品各 0.5 g 按照说明书进行操作,最后将总 DNA 溶于 100 μ L DES(试剂盒提供)中。

1.4 细菌 16S rRNA 基因的扩增

采用带 FAM 荧光标记的细菌 16S rRNA 基因通用引物 27F-FAM(5'-FAM-AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG-3')和 907R:(5'-CCG TCA ATT CCT TTR AGT TT-3'),取 1 μ L 总 DNA 作为模板进行 PCR。反应体系(50 μ L):5 μ L 10×Buffer,4 μ L 2.5 mmol/L dNTP,1 μ L 10 μ mol/L 引物,1 μ L 2.5 U Taq DNA 聚合酶(TaKaRa 公

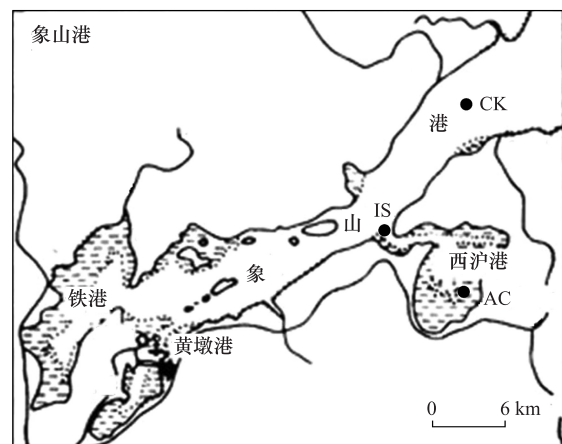


图 1 采样位点示意图

Fig. 1 Sampling sites

司), 1 μL 模板 DNA, 加灭菌 ddH_2O 至 50 μL 并混匀。扩增条件: 94 $^{\circ}\text{C}$ 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 53 $^{\circ}\text{C}$ 45 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 90 s, 30 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 7 min。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测产量和特异性后, 用 DNA 纯化试剂盒(北京天根生化科技有限公司)纯化。

1.5 细菌 16S rRNA 基因的限制性酶切

采用限制性内切酶 Msp I (TaKaRa 公司) 对细菌的 16S rRNA 基因 PCR 纯化产物进行酶切。反应体系(40 μL): 4 μL 10 $\times$ Buffer, 4 μL 0.1% BSA, 10U 限制性内切酶, 30 μL PCR 纯化产物, 加灭菌 ddH_2O 至 40 μL 并混匀。37 $^{\circ}\text{C}$ 酶切 3 h 后, 立即加入 3 $\times$ 40 μL 的预冷无水乙醇和 0.1 $\times$ 40 μL 的 3mol/L NaAc (pH 值 5.2), 采用乙醇沉淀法纯化脱盐, 纯化后溶于 10 μL 灭菌 ddH_2O 。

1.6 限制性片段的基因扫描

取 1—3 μL 酶切纯化得到的样品, 与 10 μL HiDi-甲酰胺和 0.2 μL 内标 (MapMarker 1000) 混匀后在 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 3 min, 马上置于冰浴, 然后通过 ABI 3130 Genetic Analyzer 进行限制性片段的基因扫描, 并由 ABI GeneMap 分析软件获取 T-RFLP 结果。

1.7 克隆/测序和系统发育分析

构建 CK 区域 0—5 cm 沉积物样品的细菌 16S rRNA 基因克隆文库。扩增引物采用无 FAM 荧光标记的引物 27F/907R, 其余 PCR 条件同上。以凝胶纯化后的 PCR 产物为模板, pMD19-T Vector (TaKaRa 公司) 为载体, 在 16 $^{\circ}\text{C}$ 连接反应 3 h。连接产物转入大肠杆菌 JM109 感受态细胞 (TaKaRa 公司), 并涂布于含 X-gal 和 IPTG 的 LB 培养基上。分别筛选 93 个细菌阳性克隆进行测序, 所得序列利用 ARB 软件^[25] 中的 NJ 算法 (Neighbor-Joining) 进行系统发育分析。所有序列已提交 EMBL, 序列号为 HE648378-HE648470。

1.8 数据处理

以细菌 16S rRNA 基因 T-RFLP 图谱中每一个限制性片段 (T-RF) 为 1 个可操作分类单元 (OTU), 以 T-RF 相对峰高值 (每个 T-RF 的峰高占累计峰高的比值) 作为各 OUT 的相对丰度, 相对丰度低于 0.5% 的 OTU 不予考虑。根据 OTU 的数目 (S) 及其相对丰度 (P_i) 进行多样性分析, 包括计算 Shannon-Weiner 多样性指数 ($H' = -\sum P_i \ln P_i$) 和 Pielou 的均匀度指数 ($E' = H'/\ln S$)。

2 结果与分析

2.1 沉积物理化性质

象山港不同区域的沉积物温度相似, 且具有相同的变化趋势 (表 2): 表层沉积物的温度均为 26.5 $^{\circ}\text{C}$, 随着深度的增加, 温度逐渐降低。pH 值测量结果显示, 沉积物均呈微碱性 (图 2), pH 值处于 7.6—7.9 之间, 且 CK 与 IS 区域沉积物相似, 但 AC 区域不同深度沉积物 pH 值明显高于其它两个区域。与 pH 值不同, AC 区域各深度沉积物的 Eh 介于 CK 和 IS 区域, 且随深度呈下降趋势 (图 2)。CK 区域不同深度沉积物的 Eh 变化不明显, 均处于 190 mV 左右, 远远高于 IS 区域 (100 mV 左右)。硫酸盐含量在养殖区和交汇区沉积物中随着深度的变化无明显规律 (图 2), 但在对照区呈现随深度降低的趋势。尤其在 50—55 cm 沉积物中, 硫酸

表 2 各区域不同深度沉积物温度 (Mean $\pm$ SE, $n=3$)

Table 2 Temperature of the different deep sediments in each site (Mean $\pm$ SE, $n=3$)

深度/cm Depth	温度 Temperature/ $^{\circ}\text{C}$		
	对照区 Check site (CK)	交汇区 Intersection site (IS)	养殖区 Cage culture site (AC)
0—5	26.50 $\pm$ 0.00	26.50 $\pm$ 0.17	26.50 $\pm$ 0.00
5—10	26.33 $\pm$ 0.00	26.50 $\pm$ 0.33	26.17 $\pm$ 0.17
10—15	26.00 $\pm$ 0.33	26.17 $\pm$ 0.58	26.17 $\pm$ 0.17
15—20	25.00 $\pm$ 0.00	25.67 $\pm$ 0.33	25.33 $\pm$ 0.33
20—25	23.67 $\pm$ 0.00	25.00 $\pm$ 0.00	24.33 $\pm$ 0.33
50—55	23.00 $\pm$ 0.17	23.67 $\pm$ 0.00	23.33 $\pm$ 0.33

盐含量显著降低,低于 768×10^{-6} 。平均来说,AC 区域的较高,不同深度沉积物的均值为 1200×10^{-6} ,CK 区域则只有 950×10^{-6} 。

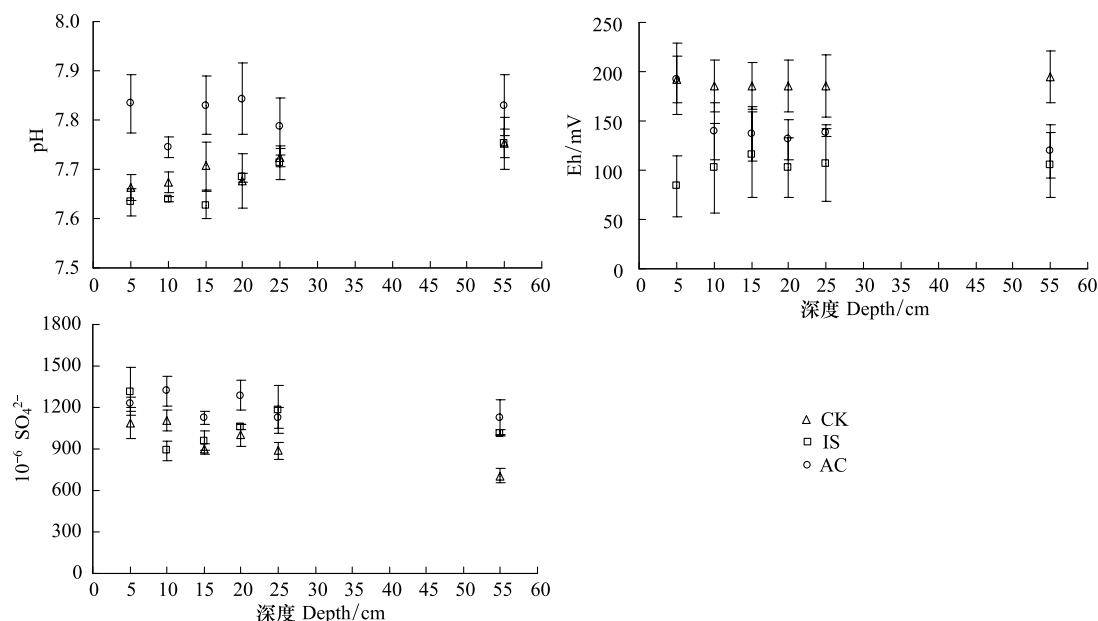


图2 各区域不同深度沉积物的 pH、Eh 和硫酸盐含量 (Mean $\pm$ SE, $n=3$)

Fig. 2 pH, Eh and SO_4^{2-} contents of the different deep sediments in each site (Mean $\pm$ SE, $n=3$)

2.2 基于 T-RFLP 的细菌群落结构分析

采用细菌 16S rRNA 基因的通用引物 27F/907R 扩增沉积物总 DNA,进行末端限制性片段长度多态性分析,得到细菌群落的 T-RFLP 图谱(图 3)。由图 3 可以看出,所有沉积物中细菌种类较丰富,末端限制性片段 (T-RFs) 的长度主要集中在 100—200 bp 和 510—520 bp 左右。相比于同一区域、不同深度沉积物的细菌群落结构差异,不同区域之间细菌群落结构的差异更加显著。比较 3 个区域不难发现,CK 区细菌 T-RFs 明显多于 AC 区,且以 T-RF 长度处于 165 bp 和 520 bp 左右的相对丰度最高。在 IS 区域,则是 T-RF 230 bp 和 520 bp 占主要地位。AC 区域中,不同平行位点间细菌群落的差异较大,尤其是表层 0—5 cm、20—25 cm 和 50—55 cm。但 T-RF 520 bp 所代表的细菌在不同深度的沉积物中还是占有较高的相对丰度。

2.3 细菌群落系统发育分析

由细菌 16S rRNA 基因的克隆文库和系统发育分析(图 4)可知,沉积物中细菌的多样性丰富,主要包括变形细菌纲 (*Proteobacteria*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、放线菌门 (*Actinobacteria*)、热微菌门 (*Thermomicrobia*)、硝化螺旋菌门 (*Nitrospirae*)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、梭杆菌门 (*Fusobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 浮霉菌门 (*Planctomycetes*) 以及 OP11 等。对所得序列进行 *in silico* 酶切分析可知,T-RF 165 bp 可能属于变形细菌 (*Proteobacteria*) 或厚壁菌门 (*Firmicutes*) 的细菌,但克隆文库中只有 4 个克隆属于厚壁菌门 (*Firmicutes*),因此推测 T-RF 165 bp 主要属于变形细菌纲 (*Proteobacteria*);而 T-RF 510—520 bp 所代表的细菌则主要分布在热微菌门 (*Thermomicrobia*)。由此可见,热微菌门 (*Thermomicrobia*) 的细菌在所有沉积物中均有一定的丰度,在细菌克隆文库中也占了 19.4%;而变形细菌 (*Proteobacteria*) 则在未受养殖活动影响的 CK 区域中有较高的相对丰度,在 CK 区域 0—5 cm 沉积物样品的细菌克隆文库中占 23.7%。

2.4 细菌群落多样性分析

基于细菌 16S rRNA 基因 T-RFLP 图谱中末端限制性片段的数目及其相对丰度,计算了各区域不同深度沉积物中细菌多样性指数 H' 和均匀度指数 E' (表 3)。由表 3 可知,在 AC 区域,除表层 0—5 cm 外,细菌的多样性指数和均匀度指数均随着深度的增加而降低。与对照区 CK 相比,AC 区域细菌的多样性显著降低。与

AC 不同,CK 区域具有较一致的均匀度指数,细菌群落在不同深度的沉积物中具有相似物种丰富度。IS 区域的多样性指数和均匀度指数则介于 CK 和 AC 区域之间。因此,从细菌的多样性来说,CK>IS>AC。

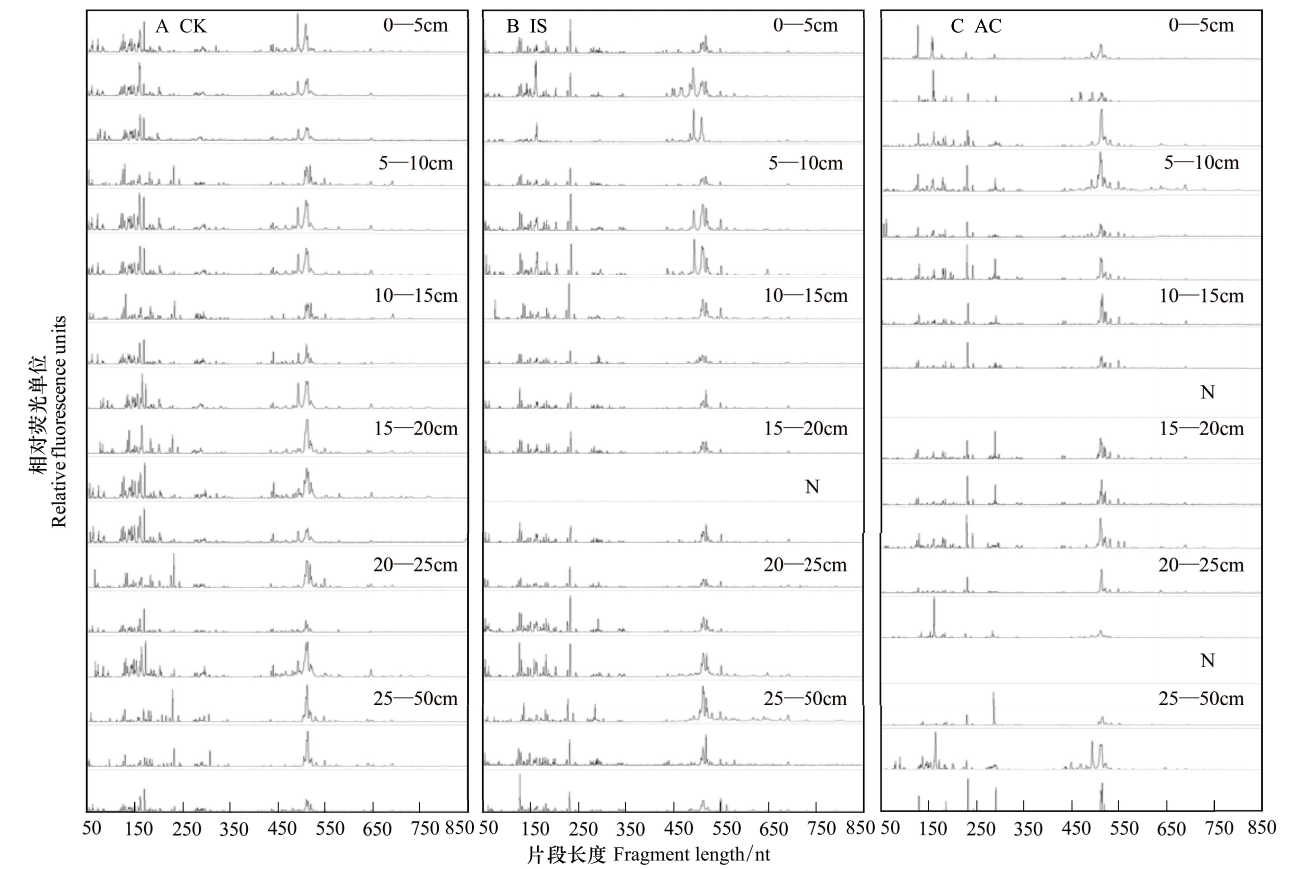


图3 沉积物中细菌群落的 T-RFLP 图谱

Fig. 3 T-RFLP profiles of bacterial communities of sediments

A:CK 区域,B:IS 区域,C:AC 区域;沉积物的取样深度已标于图谱中,连续 3 张图谱来自同一深度的 3 个平行位点;N:细菌 T-RFLP 图谱缺失

表 3 基于 T-RFLP 图谱的细菌多样性分析 (Mean± SE, n=2 或 3)

Table 3 Analysis of bacterial diversity based on T-RFLP profiles (mean± SE, n=2 or 3)

深度/cm Depth	多样性指数 H' Diversity index H'			均匀度指数 E' Evenness index E'		
	对照区 (CK) Check site	交汇区 (IS) Intersection site	养殖区 (AC) Cage culture site	对照区 (CK) Check site	交汇区 (IS) Intersection site	养殖区 (AC) Cage culture site
0—5	3.83±0.01	3.49±0.27	3.13±0.10	0.93±0.00	0.88±0.05	0.88±0.02
5—10	3.71±0.05	3.80±0.09	3.52±0.07	0.93±0.00	0.92±0.01	0.92±0.01
10—15	3.76±0.10	3.63±0.10	3.47±0.02	0.93±0.01	0.92±0.01	0.90±0.01
15—20	3.69±0.07	3.73±0.10	3.48±0.15	0.93±0.01	0.93±0.00	0.91±0.01
20—25	3.75±0.13	3.74±0.11	3.15±0.08	0.93±0.01	0.92±0.00	0.84±0.02
50—55	3.51±0.17	3.70±0.17	3.01±0.27	0.91±0.01	0.92±0.01	0.84±0.03

3 讨论与结论

微生物群落的结构和功能受环境因素的制约^[26],沉积物中微生物的多样性与养殖活动对近海环境的影响密切相关。一直以来,温度被认为是微生物群落最重要的影响因子之一^[27-28]。本研究的结果也显示,随着深度的增加,沉积物温度降低(表 2),细菌群落的多样性呈降低趋势(表 3)。另外,许多研究表明,pH 值对微生物群落结构会产生显著影响^[29-30]。网箱养殖区沉积物的 pH 值较对照区及交汇区高(图 2),对养殖区微生

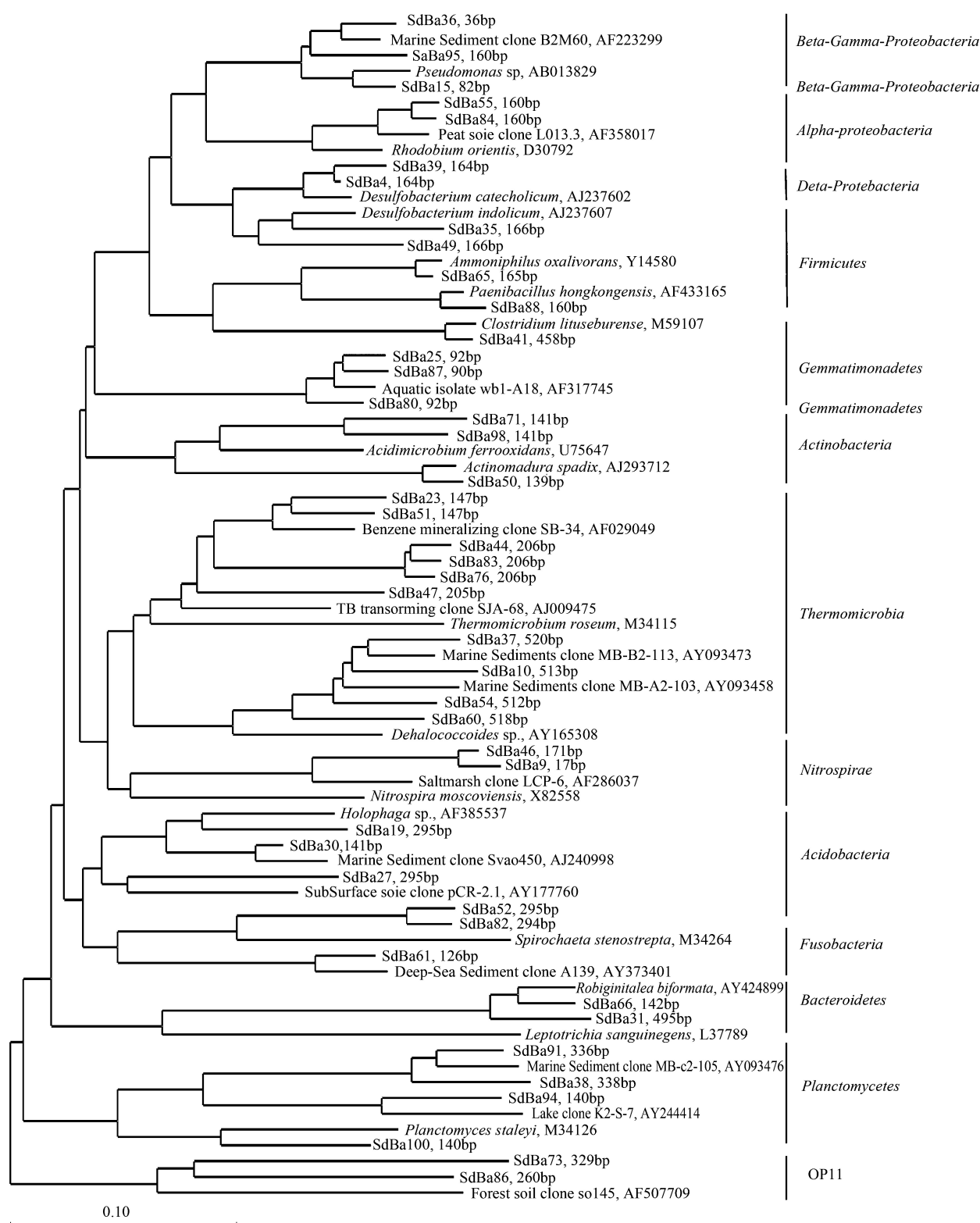


图4 细菌 16S rRNA 基因序列的系统发育关系

Fig.4 Phylogenetic relationship (neighbor-joining) of bacterial 16S rRNA gene sequences

利用 ARB 软件中的 NJ 算法构建,黑体序列为本试验获得,并注有相应的 T-RF 长度;其它序列均来自 NCBI,并注有相应的序列号

物多样性的降低。养殖活动还给近海环境带入了大量的还原性有机物^[31],耗氧率也会比对照区高 2—5 倍^[4]。因此,本研究中养殖区沉积物的氧化还原电位与对照区相比也降低了。氧化还原电位的降低使沉积

物环境逐渐呈现缺氧状态,影响需氧微生物的代谢活动,不利于有机质的好氧分解,进而影响养殖环境与养殖生物的健康。氧化还原电位和 pH 值与其它营养盐类的分布存在一定关系^[32]。本研究中沉积物硫酸盐的浓度变化(图 2C)与氧化还原电位的变化无很好的相关性,说明存在影响沉积物氧化还原电位的其它因素,硫酸盐并非主导因素。因此,沉积物的温度、pH 值和氧化还原电位都会影响其中微生物的群落结构和多样性^[13, 29]。

多样性指数是评价微生物群落多样性的有效方法,它包括微生物种类的丰富度及种类的均匀度^[33]。细菌群落结构的多样性分析表明,网箱养殖降低了象山港近海沉积物中细菌群落的多样性(表 3)。在未受养殖活动影响的对照区沉积物中,细菌群落多样性丰富,多样性指数 $H' > 3.5$,且具有良好的均匀度(0.93)。受养殖活动影响后,沉积物中微生物的多样性指数下降,且不同深度沉积物中细菌的均匀度也不再一致。近海的网箱养殖不但降低了沉积物中细菌的多样性,而且细菌的群落结构也发生了改变。在对照区,变形细菌(*Proteobacteria*)和热微菌门(*Thermomicrobia*)的细菌是其中的优势菌群(图 3,图 4),但在养殖区,变形细菌(*Proteobacteria*)丰度明显减少,且因养殖活动中不同时期引入不同数量和成分的有机物,有机物在不同位置 and 不同深度的分布都可能存在一定差异,使得不同深度、不同平行位点间细菌群落的差异较大(图 3)。在交汇区,养殖海水受到外界海水的稀释,其中由养殖活动带入的物质浓度降低,沉积物受养殖活动的影响也降低,使微生物的多样性处于对照区与养殖区之间(表 3)。刘晶晶等^[14]采用分离培养的方法对象山港网箱养殖区细菌群落的研究中也发现,网箱养殖区细菌群落的多样性要低于对照点,且某些与鱼类疾病相关的假单胞菌、弧菌等特定细菌类群富集。由此可见,近海网箱养殖使沉积物中的细菌群落由多样性较高的稳定结构向多样性降低的不稳定结构转变,使养殖环境处于相对脆弱状态,导致养殖病害爆发几率增加。

此外,养殖区表层 0—5 cm 沉积物中细菌的多样性低于 5—10 cm 的沉积物,这与 Bore 等^[34]对潮间带沉积物中细菌的多样性研究结果相似,他们发现 10—15 cm 沉积物中细菌的可操作分类单元(OUT)数高于表层 0—10 cm 的样品。推测其原因可能是表层沉积物受流动水体的干扰最为直接,养殖活动带入的有机物等也主要聚集在沉积物表层,使表层沉积物中微生物的多样性明显下降。

综上所述,本研究将 T-RFLP 技术和 16S rRNA 基因文库的方法相结合,发现近海网箱养殖活动不但使象山港沉积物 Eh、pH 等理化性质有所改变,而且使细菌的群落结构也发生了变化,降低了细菌群落的多样性和均匀度。

References:

- [1] He Y Q, Zheng Q H, Wen W Y, Zhang Y Y. A study on seawater environment affected by cage mariculture in Daya bay. *Tropic Oceanology*, 1996, 15(2): 22-27.
- [2] Nogales B, Lanfranconi M P, Piña-Villalonga J M, Bosch R. Anthropogenic perturbations in marine microbial communities. *FEMS Microbiology Reviews*, 2011, 35(2): 275-298.
- [3] Xu Y J, Qian L M. Impacts of cage culture on marine environment. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(3): 532-536.
- [4] Wu R S S. The environmental impact of marine fish culture: towards a sustainable future. *Marine Pollution Bulletin*, 1995, 31(4/12): 159-166.
- [5] Yoza B A, Harada R M, Nihous G C, Li Q X, Masutani S M. Impact of mariculture on microbial diversity in sediments near open ocean farming of *Polydactylus sexfilis*. *Ecological Indicators*, 2007, 7(1): 108-122.
- [6] Gyllenhammar A, Hakanson L. Environmental consequence analyses of fish farm emissions related to different scales and exemplified by data from the Baltic-a review. *Marine Environmental Research*, 2005, 60(2): 211-243.
- [7] Kondo R, Kawahara N, Shigematsu K, Miyada T. Comparison of bacterial communities in fish farm sediments along an organic enrichment gradient. *Aquaculture*, 2009, 287(1/2): 107-113.
- [8] Agersø Y, Bruun M S, Dalsgaard I, Larsen J L. The tetracycline resistance gene *tet(E)* is frequently occurring and present on large horizontally transferable plasmids in *Aeromonas spp.* from fish farms. *Aquaculture*, 2007, 266(1/4): 47-52.
- [9] Nonaka L, Ikeno K, Suzuki S. Distribution of tetracycline resistance gene, *tet(M)*, in Gram-positive and Gram-negative bacteria isolated from sediment and seawater at a coastal aquaculture site in Japan. *Microbes and Environments*, 2007, 22(4): 355-364.
- [10] Tamminen M, Karkman A, Corander J, Paulin L, Virta M. Differences in bacterial community composition in Baltic Sea sediment in response to fish farming. *Aquaculture*, 2011, 313(1/4): 15-23.
- [11] Caruso G, Genovese L, Mancuso M, Modica A. Effects of fish farming on microbial enzyme activities and densities: comparison between three Mediterranean sites. *Letters in Applied Microbiology*, 2003, 37(4): 324-328.

- [12] Magot M, Ollivier B, Patel B K. Microbiology of petroleum reservoirs. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2000, 77(2): 103-116.
- [13] Dang H Y, Song L S, Li T G, Qin Y S. Progresses in the studies of subsea floor deep biosphere microorganisms. *Advances in Earth Science*, 2005, 20(12): 1306-1313.
- [14] Liu J J, Zeng J N, Chen Q Z, Jian Z B, Zhao Y Q, Liao Y B, Shou L, Xu X Q, Huang Y J, Du P. The bacterial ecological distribution in water and sediment of cage culture area in Xiangshangang Bay. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(2): 377-388.
- [15] Amann R I, Ludwig W, Schleifer K H. Phylogenetic identification and in-situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 1995, 59(1): 143-169.
- [16] Parkes R J, Cragg B A, Wellsbury P. Recent studies on bacterial populations and processes in subseafloor sediments: a review. *Hydrogeology Journal*, 2000, 8(1): 11-28.
- [17] Liu Z, DeSantis T Z, Andersen G L, Knight R. Accurate taxonomy assignments from 16S rRNA sequences produced by highly parallel pyrosequencers. *Nucleic Acids Research*, 2008, 36(18): e120, doi: 10.1093/nar/gkn491.
- [18] Costello E K, Lauber C L, Hamady M, Fierer N, Gordon J I, Knight R. Bacterial community variation in human body habitats across space and time. *Science*, 2009, 326(5960): 1694-1697.
- [19] Turnbaugh P J, Hamady M, Yatsunenko T, Cantarel B L, Duncan A, Ley R E, Sogin M L, Jones W J, Roe B A, Affourtit J P, Egholm M, Henrissat B, Heath A C, Knight R, Gordon J I. A core gut microbiome in obese and lean twins. *Nature*, 2009, 457(7228): 480-484.
- [20] Liu W T, Marsh T L, Cheng H, Forney L J. Characterization of microbial diversity by determining terminal restriction fragment length polymorphisms of genes encoding 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, 63(11): 4516-4522.
- [21] Marsh T L. Terminal restriction fragment length polymorphism (T-RFLP): an emerging method for characterizing diversity among homologous populations of amplification products. *Current Opinion in Microbiology*, 1999, 2(3): 323-327.
- [22] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006, 103(3): 626-631.
- [23] Huber J A, Mark Welch D B, Morrison H G, Huse S M, Neal P R, Butterfield D A, Sogin M L. Microbial population structures in the deep marine biosphere. *Science*, 2007, 318(5847): 97-100.
- [24] Spellerberg I F, Fedor P J. A tribute to Claude Shannon (1916—2001) and a plea for more rigorous use of species richness, species diversity and the 'Shannon-Wiener' Index. *Global Ecology and Biogeography*, 2003, 12(3): 177-179.
- [25] Ludwig W, Strunk O, Westram R, Richter L, Meier H, Yadhukumar, Buchner A, Lai T, Steppi S, Jobb G, Förster W, Brettske I, Gerber S, Ginhart A W, Gross O, Grumann S, Hermann S, Jost R, König A, Liss T, Lüßmann R, May M, Nonhoff B, Reichel B, Strehlow R, Stamatakis A, Stuckmann N, Vilbig A, Lenke M, Ludwig T, Bode A, Schleifer K H. ARB: a software environment for sequence data. *Nucleic Acids Research*, 2004, 32(4): 1363-1371.
- [26] Cotner J B, Biddanda B A. Small players, large role: microbial influence on biogeochemical processes in pelagic aquatic ecosystems. *Ecosystems*, 2002, 5(2): 105-121.
- [27] Xi F, Zheng T L, Jiao N Z, Zhang Y. A preliminary analysis of mechanism of deep sea microorganisms diversity. *Advances in Earth Science*, 2004, 19(1): 38-46.
- [28] Tourna M, Freitag T E, Nicol G W, Prosser J I. Growth, activity and temperature responses of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in soil microcosms. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(5): 1357-1364.
- [29] Zhou J, Lei T. Review and prospects on methodology and affecting factors of soil microbial diversity. *Biodiversity Science*, 2007, 15(3): 306-311.
- [30] Temudo M F, Muyzer G, Kleerebezem R, van Loosdrecht M C M. Diversity of microbial communities in open mixed culture fermentations: impact of the pH and carbon source. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2008, 80: 1121-1130.
- [31] Tanner J E, Fernandes M. Environmental effects of yellowtail kingfish aquaculture in South Australia. *Aquaculture Environment Interactions*, 2010, 1(2): 155-165.
- [32] Sims J L, Patrick W H Jr. The distribution of micronutrient cations in soil under conditions of varying redox potential and pH. *Soil Science Society of America Journal*, 1978, 42: 258-262.
- [33] Stam M C, Mason P R D, Pallud C, van Cappellen P. Sulfate reducing activity and sulfur isotope fractionation by natural microbial communities in sediments of a hypersaline soda lake (Mono Lake, California). *Chemical Geology*, 2010, 278(1/2): 23-30.
- [34] Böre S I, Hedtkamp S I C, van Beusekom J E E, Fuhrman J A, Boetius A, Ramette A. Time- and sediment depth-related variations in bacterial diversity and community structure in subtidal sands. *The ISME Journal*, 2009, 3(7): 780-791.

参考文献:

- [1] 何悦强, 郑庆华, 温伟英, 张银英. 大亚湾海水网箱养殖与海洋环境相互影响研究. *热带海洋*, 1996, 15(2): 22-27.
- [3] 徐永健, 钱鲁闽. 海水网箱养殖对环境的影响. *应用生态学报*, 2004, 15(3): 532-536.
- [13] 党宏月, 宋林生, 李铁刚, 秦蕴珊. 海底深部生物圈微生物的研究进展. *地球科学进展*, 2005, 20(12): 1306-1313.
- [14] 刘晶晶, 曾江宁, 陈全震, 江志兵, 赵永强, 廖一波, 寿鹿, 徐晓群, 黄逸君, 杜萍. 象山港网箱养殖区水体和沉积物的细菌生态分布. *生态学报*, 2010, 30(2): 377-388.
- [27] 席峰, 郑天凌, 焦念志, 张瑶. 深海微生物多样性形成机制浅析. *地球科学进展*, 2004, 19(1): 38-46.
- [29] 周桔, 雷霆. 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望. *生物多样性*, 2007, 15(3): 306-311.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.33 ,No.2 January ,2013(Semimonthly)

CONTENTS

Frontiers and Comprehensive Review

- Spatio-temporal heterogeneity of water and plant adaptation mechanisms in karst regions; a review CHEN Hongsong, NIE Yunpeng, WANG Kelin (317)
- Impacts of mangrove vegetation on macro-benthic faunal communities CHEN Guangcheng, YU Dan, YE Yong, et al (327)
- Advance in research on the occurrence and transformation of arsenic in the freshwater lake ecosystem ZHANG Nan, WEI Chaoyang, YANG Linsheng (337)
- Application of nano-scale secondary ion mass spectrometry to microbial ecology study HU Hangwei, ZHANG Limei, HE Jizheng (348)
- Carbon cycle of urban system; characteristics, mechanism and theoretical framework ZHAO Rongqin, HUANG Xianjin (358)
- Research and compilation of urban greenhouse gas emission inventory LI Qing, TANG Lina, SHI Longyu (367)

Autecology & Fundamentals

- Seed dispersal and seedling recruitment of *Ulmus pumila* woodland in the Keerqin Sandy Land, China YANG Yunfei, BAI Yunpeng, LI Jiandong (374)
- Influence of environmental factors on seed germination of *Bombax malabaricum* DC. ZHENG Yanling, MA Huancheng, Scheller Robert, et al (382)
- Carbon, nitrogen and phosphorus stoichiometric characteristics during the decomposition of *Spartina alterniflora* and *Cyperus malaccensis* var. *brevifolius* litters OUYANG Linmei, WANG Chun, WANG Weiqi, et al (389)
- Home range of *Teratoscincus roborowskii* (Gekkonidae): influence of sex, season, and body size LI Wenrong, SONG Yucheng, SHI Lei (395)
- Effects of the covering behavior on food consumption, growth and gonad traits of the sea urchin *Glyptocidaris crenularis* LUO Shibin, CHANG Yaqing, ZHAO Chong, et al (402)
- Biological response of the rice leafhopper *Cnaphalocrocis medinalis* (Güenée) reared on rice and maize seedling to temperature LIAO Huaijian, HUANG Jianrong, FANG Yuansong, et al (409)

Population, Community and Ecosystem

- Composition and stability of organic carbon in the top soil under different forest types in subtropical China SHANG Suyun, JIANG Peikun, SONG Zhaoliang, et al (416)
- The community characteristics of different types of grassland under grazing prohibition condition ZHANG Pengli, CHEN Jun, CUI Shujuan, et al (425)
- Spatial pattern and competition relationship of *Stellera chamaejasme* and *Aneurolepidium dasystachys* population in degraded alpine grassland REN Heng, ZHAO Chengzhang (435)
- SOC decomposition of four typical broad-leaved Korean pine communities in Xiaoxing' an Mountain SONG Yuan, ZHAO Xizhu, MAO Zijun, et al (443)
- The influence of vegetation restoration on soil archaeal communities in Fuyun earthquake fault zone of Xinjiang LIN Qing, ZENG Jun, ZHANG Tao, et al (454)
- Effects of fertilization regimes on soil faunal communities in cropland of purple soil, China ZHU Xinyu, DONG Zhixin, KUANG Fuhong, et al (464)
- Woody plant leaf litter consumption by the woodlouse *Porcellio scaber* with a choice test LIU Yan, LIAO Yuncheng (475)
- The bacterial community of coastal sediments influenced by cage culture in Xiangshan Bay, Zhejiang, China QIU Qiongfeng, ZHANG Demin, YE Xiansen, et al (483)
- A study of meiofauna in the COMRA's contracted area during the summer of 2005 WANG Xiaogu, ZHOU Yadong, ZHANG Dongsheng, et al (492)
- Hydrologic regime of interception for typical forest ecosystem at subalpine of Western Sichuan, China SUN Xiangyang, WANG Genxu, WU Yong, et al (501)

Landscape, Regional and Global Ecology

- Sensitivity and vulnerability of China's rice production to observed climate change XIONG Wei, YANG Jie, WU Wenbin, et al (509)

Characteristics of temperature and precipitation in Northeastern China from 1961 to 2005	HE Wei, BU Rencang, XIONG Zaiping, et al (519)
Combined effects of elevated O ₃ and reduced solar irradiance on growth and yield of field-grown winter wheat	ZHENG Youfei, HU Huifang, WU Rongjun, et al (532)
Resource and Industrial Ecology	
The study of vegetation biomass inversion based on the HJ satellite data in Yellow River wetland	GAO Mingliang, ZHAO Wenji, GONG Zhaoning, et al (542)
Temporal and spatial variability of soil available nutrients in arable Lands of Heyang County in South Loess Plateau	CHEN Tao, CHANG Qingrui, LIU Jing, et al (554)
Decomposition characteristics of wheat straw and effects on soil biological properties and nutrient status under different rice cultivation	WU Ji, GUO Xisheng, LU Jianwei, et al (565)
Effects of nitrogen application stages on photosynthetic characteristics of summer maize in high yield conditions	LÜ Peng, ZHANG Jiwang, LIU Wei, et al (576)
Urban, Rural and Social Ecology	
The degradation threshold of water quality associated with urban landscape component	LIU Zhenhuan, LI Zhengguo, YANG Peng, et al (586)
Ecological sustainability in Chang-Zhu-Tan region; a prediction study	DAI Yanan, HE Xinguang (595)
The effect of exogenous nitric oxide on activities of antioxidant enzymes and microelements accumulation of two rice genotypes seedlings under cadmium stress	ZHU Hanyi, CHEN Yijun, LAO Jiali, et al (603)
Forms composition of inorganic carbon in sediments from Dali Lake	SUN Yuanyuan, HE Jiang, LÜ Changwei, et al (610)
Fractionation character and bioavailability of Cd, Pb, Zn and Ni combined pollution in oasis soil	WU Wenfei, NAN Zhongren, WANG Shengli, et al (619)
Effects of CA and EDTA on growth of <i>Chlorophytum comosum</i> in copper-contaminated soil	WANG Nannan, HU Shan, WU Dan, et al (631)
Research Notes	
Values of marine ecosystem services in Haizhou Bay	ZHANG Xiuying, ZHONG Taiyang, HUANG Xianjin, et al (640)
Variations of <i>Leymus chinensis</i> community, functional groups, plant species and their relationships with climate factors	TAN Liping, ZHOU Guangsheng (650)
The effect of N:P supply ratio on P uptake and utilization efficiencies in <i>Larix olgensis</i> Henry. seedlings	WEI Hongxu, XU Chengyang, MA Lüyi, et al (659)

《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 33 卷 第 2 期 (2013 年 1 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 2 (January, 2013)

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	王如松	Editor-in-chief	WANG Rusong
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:100717	Published by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷	北京北林印刷厂	Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
发 行	科 学 出 版 社 地址:东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717 电话:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net
订 购	全国各地邮局	Domestic	All Local Post Offices in China
国外发行	中国国际图书贸易总公司 地址:北京 399 信箱 邮政编码:100044	Foreign	China International Book Trading Corporation Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China
广告经营 许 可 证	京海工商广字第 8013 号		



ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 90.00 元