

ISSN 1000-0933

CN 11-2031/Q

生态学报

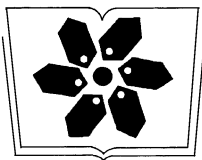
Acta Ecologica Sinica



第 32 卷 第 20 期 Vol.32 No.20 **2012**

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 32 卷 第 20 期

2012 年 10 月 (半月刊)

目 次

太湖流域源头溪流氧化亚氮(N_2O)释放特征.....	袁淑方, 王为东 (6279)
闽江河口湿地植物枯落物立枯和倒伏分解主要元素动态.....	曾从盛, 张林海, 王天鹅, 等 (6289)
宁夏荒漠草原小叶锦鸡儿可培养内生细菌多样性及其分布特征.....	代金霞, 王玉炯 (6300)
陕西省栎黄枯叶蛾蛹的空间分布.....	章一巧, 宗世祥, 刘永华, 等 (6308)
模拟喀斯特生境条件下干旱胁迫对青冈栎苗木的影响.....	张中峰, 尤业明, 黄玉清, 等 (6318)
中国井冈山生态系统多样性.....	陈宝明, 林真光, 李 贞, 等 (6326)
鄂西南木林子常绿落叶阔叶混交林恢复过程中优势树种生态位动态.....	汤景明, 艾训儒, 易咏梅, 等 (6334)
不同增温处理对夏蜡梅光合特性和叶绿素荧光参数的影响	徐兴利, 金则新, 何维明, 等 (6343)
模拟长期大风对木本猪毛菜表观特征的影响	南 江, 赵晓英, 余保峰 (6354)
雷竹林土壤和叶片 N、P 化学计量特征对林地覆盖的响应	郭子武, 陈双林, 杨清平, 等 (6361)
利用树木年轮重建赣南地区 1890 年以来 2—3 月份温度的变化	曹受金, 曹福祥, 项文化 (6369)
川西亚高山草甸土壤呼吸的昼夜变化及其季节动态.....	胡宗达, 刘世荣, 史作民, 等 (6376)
火干扰对小兴安岭白桦沼泽和落叶松-苔草沼泽凋落物和土壤碳储量的影响	周文昌, 牟长城, 刘 夏, 等 (6387)
黄土丘陵区三种典型退耕还林地土壤固碳效应差异.....	佟小刚, 韩新辉, 吴发启, 等 (6396)
岩质公路边坡生态恢复土壤特性与植物多样性	潘树林, 辜 彬, 李家祥 (6404)
坡位对东灵山辽东栎林土壤微生物量的影响.....	张 地, 张育新, 曲来叶, 等 (6412)
太湖流域典型入湖港口景观格局对河流水质的影响.....	王 瑛, 张建锋, 陈光才, 等 (6422)
基于多角度基尼系数的江西省资源环境公平性研究	黄和平 (6431)
中国土地利用空间格局动态变化模拟——以规划情景为例	孙晓芳, 岳天祥, 范泽孟 (6440)
世界主要国家耕地动态变化及其影响因素	赵文武 (6452)
不同氮源下好氧反硝化菌 <i>Deffluibacter lusatiensis</i> str. DN7 的脱氮特性	肖继波, 江惠霞, 褚淑祎 (6463)
基于生态足迹方法的南京可持续发展研究.....	周 静, 管卫华 (6471)
基于投入产出方法的甘肃省水足迹及虚拟水贸易研究.....	蔡振华, 沈来新, 刘俊国, 等 (6481)
浦江县土壤碱解氮的空间变异与农户 N 投入的关联分析	方 斌, 吴金凤, 倪绍祥 (6489)
长江河口潮间带盐沼植被分布区及邻近光滩鱼类组成特征	童春富 (6501)
深圳湾不同生境湿地大型底栖动物次级生产力的比较研究.....	周福芳, 史秀华, 邱国玉, 等 (6511)
灰斑古毒蛾口腔反吐物诱导沙冬青细胞 Ca^{2+} 内流及 H_2O_2 积累	高海波, 张淑静, 沈应柏 (6520)
濒危物种金斑喙凤蝶的行为特征及其对生境的适应性.....	曾菊平, 周善义, 丁 健, 等 (6527)
细叶榕榕小蜂群落结构及动态变化.....	吴文珊, 张彦杰, 李凤玉, 等 (6535)
专论与综述	
流域生态系统补偿机制研究进展	张志强, 程 莉, 尚海洋, 等 (6543)
可持续消费的内涵及研究进展——产业生态学视角	刘晶茹, 刘瑞权, 姚 亮 (6553)
工业水足迹评价与应用.....	贾 佳, 严 岩, 王辰星, 等 (6558)
矿区生态风险评价研究述评.....	潘雅婧, 王仰麟, 彭 建, 等 (6566)
研究简报	
围封条件下荒漠草原 4 种典型植物群落枯落物枯落量及其蓄积动态.....	李学斌, 陈 林, 张硕新, 等 (6575)
密度和种植方式对夏玉米酶活性和产量的影响.....	李洪岐, 蔺海明, 梁书荣, 等 (6584)
期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 312 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 35 * 2012-10	

封面图说: 草丛中的朱鹮——朱鹮有着鸟中“东方宝石”之称。洁白的羽毛, 艳红的头冠和黑色的长嘴, 加上细长的双脚, 朱鹮历来被日本皇室视为圣鸟。20 世纪前朱鹮在中国东部、日本、俄罗斯、朝鲜等地曾有较广泛地分布, 由于环境恶化等因素导致种群数量急剧下降, 至 20 世纪 70 年代野外已认为无踪影。1981 年 5 月, 中国鸟类学家经多年考察, 在陕西省洋县重新发现朱鹮种群, 一共只有 7 只, 也是世界上仅存的种群。此后对朱鹮的保护和科学研究做了大量工作, 并于 1989 年在世界首次人工孵化成功。

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

DOI: 10.5846/stxb201202260258

代金霞, 王玉炯. 宁夏荒漠草原小叶锦鸡儿可培养内生细菌多样性及其分布特征. 生态学报, 2012, 32(20): 6300-6307.

Dai J X, Wang Y J. Diversity and distribution of endophytic bacteria isolated from *Caragana microphylla* grown in desert grassland in Ningxia. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(20): 6300-6307.

宁夏荒漠草原小叶锦鸡儿可培养内生细菌 多样性及其分布特征

代金霞, 王玉炯*

(宁夏大学生命科学学院, 银川 750021)

摘要:对宁夏荒漠草原小叶锦鸡儿各部分组织中可培养内生细菌的遗传多样性和分布特征进行了分析,并对菌株的耐盐性、耐酸碱性和生长温度范围进行了测定。结果表明:各部分组织中内生细菌的数量和群落组成存在明显差异,根部细菌种群密度最大,分离数量最多,叶部次之,茎部和种子数量最少。78株分离菌株经16S rDNA-RFLP分析共产生9种遗传图谱类型,16S rDNA序列分析表明供试菌株分别归属于芽孢杆菌属、类芽孢杆菌属、假单胞菌属、贪铜菌属、罗尔斯顿菌属和中华根瘤菌属,与其它植物相比多样性较为单一;芽孢杆菌属是小叶锦鸡儿的优势内生菌群(占87.2%),分布于所有组织中。菌株的抗逆能力较强,多数菌株可耐受6%的NaCl,能在pH值5.0—10.0及45℃的条件下生长,3株芽孢杆菌属细菌具有较强的耐盐、耐酸碱、耐高温性能。

关键词:极端环境;小叶锦鸡儿;内生细菌;遗传多样性;抗逆性

Diversity and distribution of endophytic bacteria isolated from *Caragana microphylla* grown in desert grassland in Ningxia

DAI Jinxia, WANG Yujiong*

School of Life Science, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

Abstract: Endophytic bacteria can be defined as those bacteria that can colonize the internal tissue of a plant without causing negative effects on their host. Many endophytes can be used as agents for stimulating plant growth, and for producing bioactive natural compounds as a potential source of novel products for use in medicine, agriculture, and industry. Therefore, the study of plant endophytic bacteria is important for understanding ecological interactions and for the development of biotechnological applications. We studied the diversity, distribution, and stress resistance of endophytic bacteria isolated from *Caragana microphylla*, a perennial leguminous shrub that is highly tolerant to drought, salt, and extreme cold environment, from desert grassland in Ningxia, China. A total of 78 bacterial strains were isolated, and the quantity and community composition of endophytic bacteria in various tissues of *C. microphylla* were found to be markedly different. The bacteria colonizing in the roots was greater than that of other tissues (40 strains), followed by leaves (20 strains). The genetic diversity and phylogenetic position of the isolates were analyzed using restriction fragment length polymorphisms (RFLP) and sequence homology comparisons of the 16S rDNA gene. The isolates were classified into 11 types on the basis of PCR-RFLP results, and strains were determined to belong to six genera from five families based on 16S rDNA sequence analysis. The endophytic bacterial population of *C. microphylla* was found to be less diverse than that of other plants, and colonized predominantly by *Bacillus* species (87.2%), which were distributed in all tissues of the plant.

基金项目:国家自然科学基金资助项目(31200103);宁夏自然科学基金资助项目(NZ12152)

收稿日期:2012-02-26; **修订日期:**2012-08-03

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wyj@nxu.edu.cn

The bacterial populations in the roots consisted of *Bacillus* (89.6%) and *Paenibacillus*, which included isolates belonging to rDNA types 1—6. The bacterial populations found in leaf tissue consisted of *Bacillus* and *Ralstonia* species, while bacteria found in the stems were mainly *Bacillus*, *Pseudomonas*, and *Sinorhizobium* species. *Bacillus*, *Pseudomonas*, and *Cupriavidus* species were isolated from seeds. Tests for stress resistance revealed that most of the isolates could tolerate NaCl stress at 6% concentration, and could grow at an initial pH of 5.0—11.0 and at a temperature of 10—45°C. A small number of isolates could tolerate NaCl stress at 10% concentration, and could grow at pH 12.0 at a temperature of 55°C. None of the isolates could grow below pH 4.0 and at a temperature of 4°C. The stress resistance of endophytic bacteria was different in various tissues, and root bacteria showed greater levels of resistance than strains isolated from other tissues. However in general, the endophytic bacteria of *C. microphylla* had a strong resistance capacity, among which, three strains of *Bacillus* were most resistant. The results of this study not only offer new information about the *C. microphylla* endophytes under extreme environmental conditions, but also add to our knowledge regarding the protection and utilization of microbial resources in arid areas during the management of desertification.

Key Words: extreme environment; *Caragana microphylla*; endophytic bacteria; genetic diversity; stress resistance

植物内生细菌指存活于健康植物组织内部,而又不引发宿主植物表现出明显感染症状的细菌类群^[1]。它们长期生活在植物体内的特殊环境中并与宿主协同进化。一方面植物体为其提供生长必需的能量和营养,另一方面,内生菌又可通过自身的代谢产物或借助于信号传导作用对植物体产生影响^[2]。许多植物内生细菌具有重要的生物学和生态学功能,如通过固氮、分泌生长素、抗病虫害来促进植物生长,或作为潜在的生防资源和外源基因载体,在农业和医药领域中具有巨大的应用潜力而使之逐渐成为国内外研究的热点^[3]。目前对植物内生细菌的研究主要集中于粮食作物、经济作物和药用植物,而绝大多数植物特别是在特殊生境或极端环境下的植物内生细菌及其作用尚待研究。极端环境下的植物是否也蕴藏着丰富的内生细菌资源,这些内生细菌的种群结构和分布特点与其它环境下的内生细菌有何异同,它们对于生存条件极其恶劣的宿主植物有何作用或功能?因此,对极端环境中的植物内生细菌多样性、生理特性研究以及从各个层次上深入探讨内生菌与宿主植物之间的相互作用,将有助于了解内生细菌的生物学特性及其未知的生态学作用、发掘新的微生物种质资源。

小叶锦鸡儿 *Caragana microphylla* 是豆科 (Leguminosa) 蝶形花亚科 (Papilionoideae) 锦鸡儿属植物,是我国北方大部分地区特别是黄土高原和干旱风沙区的优良豆科灌木,具有极强的生命力和抗逆性,它可以抗 50°C 的高温,耐 -40°C 的严寒,在土壤 pH 值 6.0—11.0 的环境下都能正常生长。此外还兼具薪碳、蜜源、药用、饲用等经济价值,是我国西北、华北、东北西部水土保持和固沙造林的重要树种之一,具有重要的生态价值^[4]。宁夏位于我国西北的东部,东邻毛乌素沙漠南缘,属于典型的荒漠化草原地带,是我国西部土地沙漠化最严重的地区之一,自然生态恶化。小叶锦鸡儿作为宁夏荒漠区长期发展的重要植物资源,在维护干旱荒漠区的生态平衡、改善沙区环境、发展畜牧业生产、提高沙区的经济效能中发挥着十分重要的作用。本文拟对宁夏荒漠草原优势固沙植物小叶锦鸡儿各部分组织内生细菌多样性、分布特征、生理特性进行分析,为深入探讨极端环境中内生细菌的生态功能、内生细菌与宿主植物的相互作用研究奠定基础,也将有助于发掘新的微生物种质资源,为推动干旱地区微生物资源的保护、开发和利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 菌株的分离

植物材料采自宁夏白芨滩国家级自然保护区。该保护区位于毛乌素沙漠的边缘 (106°20'—106°37' E, 37°49'—38°20' N),保护区内集中分布有干旱沙地、荒漠草原和流动沙丘等荒漠类型生态系统,是我国典型的荒漠类型自然保护区,年均降水量 255.2 mm,年均蒸发量为 2862.2 mm,土壤类型以灰钙土为主。区内分布的以锦鸡儿为主的 1.7 万 hm² 天然荒漠灌木群落是我国面积最大最集中的特有类型。于 2011 年 5—9 月

采集生长旺盛、树龄 10a 以上的小叶锦鸡儿根、茎、叶和种子。采用 5 点取样法(每点间隔 100m)共采集各组织材料 5 份,混匀。称取根、叶、种子各 10 g 分别用无菌水清洗干净,经 75% 的乙醇浸泡 3 min,漂洗后再用 0.1% 的 HgCl_2 表面消毒 3—5 min,无菌水漂洗多次后置于研钵中加入无菌生理盐水研磨至匀浆,取上清液梯度稀释后接种于 LB 琼脂培养基中;茎部经表面消毒后,用灭菌解剖刀去除两端切面,切割成 1 cm^3 的小块,平放于 LB 平板上,置 $28\text{ }^\circ\text{C}$ 下培养 2—3 d。取最后 1 次无菌水清洗液涂布平板进行无菌检测。根据菌落形态挑选单菌落进行分离纯化。经革兰氏染色并镜检细胞形态和纯度后,纯菌落转接于试管斜面保存。本实验从小叶锦鸡儿各组织共分离内生细菌 78 株。菌株编号见表 1。

1.2 遗传多样性分析

1.2.1 菌株基因组 DNA 的提取

将纯化的菌株接入 LB 液体培养基中, $28\text{ }^\circ\text{C}$,150 r/min 振荡培养 2 d, $4\text{ }^\circ\text{C}$ 8000 r/min 离心收集菌体,弃去上清,用 TE 洗涤 3 次,用 CTAB-胍/氯仿进行菌株总 DNA 提取^[5]。

1.2.2 16S rDNA-RFLP 分析

采用通用引物对 27F(5'-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG-3')/1492R(5'-TAC GGY TAC CTT GTT ACG ACT T-3') 扩增菌株的 16S rDNA 序列,引物序列分别对应于大肠杆菌(*Escherichia coli*)16S rRNA 基因的 8—27 位和 1492—1513 位^[5]。扩增产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测合格后,选用 *Hae*III、*Hinf*I、*Msp*I 3 种限制性内切酶 $37\text{ }^\circ\text{C}$ 消化 4 h(酶切体系含 PCR 产物 4 μL ,酶 5U, Buffer 1.0 μL ,去离子水补足至 10 μL)。消化产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,GelRed 染色,Bio-Rad 凝胶成像系统拍照。根据不同酶切图谱类型,对每一待测菌株的 3 种酶切结果进行归类组合,具有相同酶切图谱的菌株作为一个基因型(rDNA type)。

1.2.3 序列测定及系统发育分析

选取各酶切图谱类型的代表菌株,纯化其 16S rDNA 的 PCR 产物后委托上海生工生物工程技术有限公司进行测序(测序引物与扩增相同)。测序结果在 GenBank 中进行 blast 同源性搜索,获得同源性相近的菌种序列,Clustal X 多重比对后,运用 MEGA5.0 软件,采用 Neighbor-joining 法构建系统树,对各菌株的系统发育地位进行分析,bootstrap 1000 次检测各分支的置信值。

1.3 抗逆性测定

配制含 NaCl 质量分数为 2%、4%、6%、8%、10% 等 5 个梯度的 LB 平板用于菌株耐盐性测定;用 HCl 和 NaOH 调节灭菌的 LB 培养基使其 pH 值为 4.0、5.0、10.0、11.0、12.0 等 5 个梯度后倒平板用于菌株耐酸碱能力测定;在 LB 平板上接种供试菌株后置于 4、10、45、55 $^\circ\text{C}$ 下培养用于菌株生长温度范围测定。

将待测菌株活化后接种于 LB 液体培养基培养 36h,用无菌水调至各菌株 OD₂₆₀ 的值一致,点接于待测指标平板(每皿重复接 5 点),置恒温培养箱中培养 2—7 d,观察平板上菌的生长情况,各处理均 3 次重复^[6]。以含 0.5% NaCl、pH 值 7.0、 $28\text{ }^\circ\text{C}$ 生长的 LB 平板作为阳性对照。

2 结果分析

2.1 菌株 16S rDNA 的扩增及 RFLP 分型与分布

本研究从小叶锦鸡各组织中共分离出内生细菌 78 株。其中,根部分离 48 株(R01—R48),叶部 20 株(L01—L20),茎部 6 株(S1—S6),种子 4 株(SD1—SD4)。所有菌株用引物对 27F、1492R 特异性扩增后获得 1500 bp 左右的单一条带(图 1)。PCR 产物经 3 种内切酶消化得到不同的酶切图谱类型(图 2—图 4),组合后共获得 11 种基因型(表 1),其中根部 6 种,分布于基因型 1—6 中;叶部 4 种,分布于基因型 1—3 和 10 中;茎部 4 种,分布于基因型 1、3、8 和 11 中;种子 3 种,分布于基因型 1、7、9 中。从内生细菌在不同组织器官的分布特征上看,基因型 1 在所有组织中都有分布,基因型 3 分布在种子以外的其它组织中,这 2 种基因型的菌株分离数量最多,分布最广,属于小叶锦鸡儿的优势类群;基因型 4—6 的菌株只从根部分离获得;基因型 8、11 的菌株仅从茎部获得,而基因型 7、9 的菌株仅从种子分离获得,说明内生细菌的分布数量、种类在不同组织之间存在差异,具有明显的组织特异性。

表 1 小叶锦鸡儿可培养内生细菌 16S rDNA 基因型及其系统发育地位

Table 1 16S rDNA types of the endophytic bacteria isolated from <i>C. microphylla</i> and their phylogenetic position				
菌株 Strains	基因型 rDNA type	科 Family	NCBI 比对结果 NCBI closest match	序列相似性 Sequence identity/%
R43 *, L01 *, SD4 *	1	Bacillaceae	<i>Bacillus cereus</i>	100
R07, R11, R17, R35, R36, R41, L04, L06, L08, L09, L12, L14, L16, S5, S6			<i>Bacillus thuringiensis</i>	99
			<i>Bacillus anthracis</i>	99
			<i>Bacillus subtilis</i>	99
L07 *, L19 *, R18, R21, R32, R33, R34, R37, R38, R40, R42	2	Bacillaceae	<i>Bacillus pumilus</i>	100
R05 *, R19 *, R25 *, R39 *, R46 *, L03 *, R12 *, R01, R02, R03, R04, R06, R08, R13, R15, R16, R20, R22, R23, R24, R26, R27, R28, R29, R30, R31, L10, L11, L17, S2	3	Bacillaceae	<i>Bacillus simplex</i>	100
R10 *, R09	4	Bacillaceae	<i>Bacillus idriensis</i>	100
R48 *, R44, R45	5	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus lautus</i>	99
R14 *, R47	6	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus ehimensis</i>	99
SD3 *, SD2	7	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas marginalis</i> <i>Pseudomonas fluorescens</i>	99
S1 *, S4	8	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas syringae</i>	97
SD1 *	9	Burkholderiaceae	<i>Cupriavidus basilensis</i>	99
L02 *, L05, L13, L15, L18, L20	10	Burkholderiaceae	<i>Ralstonia pickettii</i>	100
S3 *	11	Rhizobiaceae	<i>Sinorhizobium melioli</i>	100

带有 * 符号的为测序的代表菌株

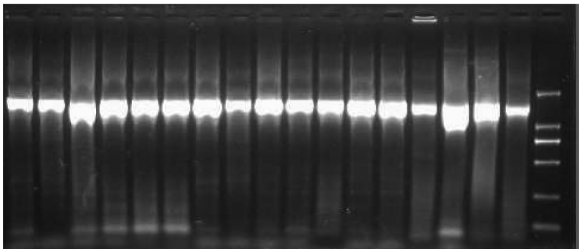


图 1 菌株 16S rDNA 扩增电泳图
Fig.1 Electrophoretic fingerprints of 16S rDNA

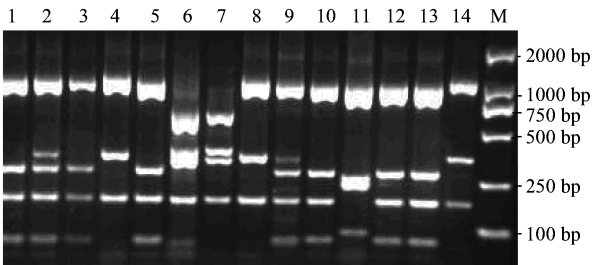


图 2 部分菌株 16S rDNA *Hinf* I 酶切图
Fig.2 16S rDNA RFLP patterns digested by *Hinf* I

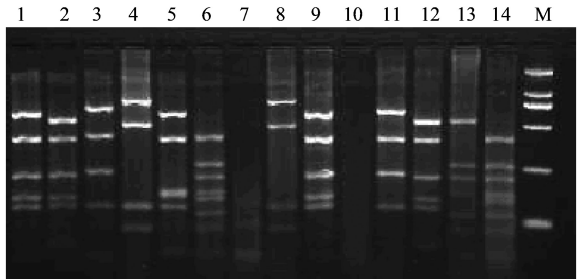


图 3 部分菌株 16S rDNA *Msp* I 酶切图
Fig.3 16S rDNA RFLP patterns digested by *Msp* I

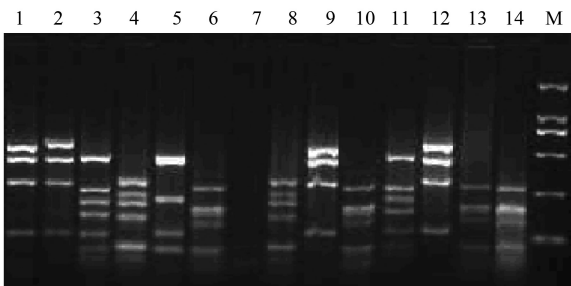


图 4 部分菌株 16S rDNA *Hae* III 酶切图
Fig.4 16S rDNA RFLP patterns digested by *Hae* III

2.2 内生细菌的遗传多样性与系统发育

选取各基因型的代表菌株进行 16S rDNA 全序列测定,获得的正反向序列经拼接比对后得到 1300—1500 bp 左右的长度。测序结果提交至 Genbank 获得检索号 (JN604320-JN604339)。序列在 GenBank 中同源性搜

索结果表明基因型 1—6 的菌株属于芽孢杆菌纲 (Bacilli) 芽孢杆菌科 Bacillaceae 和类芽孢杆菌科 Paenibacillaceae; 基因型 7—8 的菌株属于 γ -变形杆菌纲 (γ -proteobacteria) 假单胞菌科 Pseudomonadaceae; 基因型 9—10 的菌株属于 β -变形杆菌纲 (β -proteobacteria) 伯克氏菌科 Burkholderiaceae; 基因型 11 的菌株属于 α -变形杆菌纲 (α -proteobacteria) 的根瘤菌科 Rhizobiaceae。以代表菌株的 16S rDNA 序列构建的系统发育树如图 1。系统树所反映的菌株的系统关系与 16S rDNA-RFLP 分型结果一致。

芽孢杆菌科: 包括基因型 1—4 的菌株, 占有所有分离物的 78.2% (61 株), 属于小叶锦鸡儿的优势类群。分布于各种组织中, 根部种群密度最大, 占根部分离物的 89.6% (43 株), 其次为叶部, 70% 的叶部分离物属于该科 (14 株)。16S rDNA 基因序列分析表明, 这 4 种基因型的菌株全部与芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 相关菌株序列同源性最高。其中基因型 1 的菌株与蜡样芽孢杆菌 *Bacillus cereus* 的 16S rDNA 序列相似性为 100%, 与枯草芽孢杆菌 *Bacillus subtilis*、炭疽芽孢杆菌 *Bacillus anthracis*、苏云金芽孢杆菌 *Bacillus thuringiensis* 的 16S rDNA 序列相似性均达到 99%; 基因型 2、3 的菌株分别与短小芽孢杆菌 *Bacillus pumilus*、简单芽孢杆菌 *Bacillus simplex* 序列相似性为 100%; 基因型 4 的菌株与病研所芽孢杆菌 *Bacillus idriensis* 的序列相似性为 100%。

类芽孢杆菌科: 包括基因型 5—6 的分离物, 仅从根部分离获得。分别与类芽孢杆菌属的灿烂类芽孢杆菌 *Paenibacillus lautus*、爱媛类芽孢杆菌 *Paenibacillus ehimensis* 的 16S rDNA 基因序列相似性为 99%。

假单胞菌科: 从茎部分离出 2 株 (基因型 8), 与丁香假单胞菌 *Pseudomonas syringae* 的 16S rDNA 序列相似性为 97%; 种子分离出 2 株 (基因型 7), 与边缘假单胞菌 *Pseudomonas marginalis*、荧光假单胞菌 *Pseudomonas fluorescens* 的 16S rDNA 序列相似性均为 99%。根部、叶部无分布。

伯克氏菌科: 包括基因型 9—10 的菌株。叶部分离出 6 株, 具有相同的基因型 (基因型 10), 与皮氏罗尔斯顿菌 *Ralstonia pickettii* 的 16S rDNA 同源性为 100%。种子分离出 1 株 (基因型 9), 与贪铜菌属的 *Cupriavidus basilensis* 的 16S rDNA 序列相似性为 99%。茎部和根部无分布。

根瘤菌科: 仅从茎部分离 1 株 (基因型 11), 与草木樨中华根瘤菌 *Sinorhizobium meliloti* 的 16S rDNA 序列相似性为 100%。

2.3 菌株的抗逆性

经过检测, 供试菌株对 NaCl 的耐受能力差异较大。87% 的菌株能够耐受 2% 的 NaCl, 70.5% 的菌株能够耐受 4% 的 NaCl, 64% 的菌株能够耐受 6% 的 NaCl, 仅有 20% 和 5% 的菌株能在含 8% 和 10% 的 NaCl 平板上生长。其中根部分离物的耐盐性普遍较强, 所有根部细菌在含 2% NaCl 的平板上生长良好, 58.3% 的菌株可耐受 6% 的 NaCl; 叶部菌株的耐盐性差异最大, 35% (7 株) 的菌株不能在含 2% NaCl 的平板上生长, 而 40% (8 株) 的菌株却能够耐受 8% 的 NaCl, 其中 L07 和 L19 在 10% NaCl 平板上仍然长势良好。茎部的 6 株分离物耐盐性较弱, 仅有 4 株能耐受 2% 的 NaCl。种子分离物中 SD4 可耐受 8% 的 NaCl, SD2 和 SD3 仅可耐受 2% 的 NaCl, SD1 不能在含 2% NaCl 的平板上生长。

分别有 70.5%、32% 的菌株在 pH 值 10.0 和 pH 值 11.0 的条件下生长旺盛, 12.8% 的菌株能在 pH 值 12.0 的培养基中生长, 包括根部 5 株, 叶部 5 株, 其中 R11, R48 和 L08 长势良好。53.8% 的菌株在 pH 值 5.0 的条件下能较好的生长, 但在 pH 值 4.0 的条件下所有菌株都不能生长。分离自种子的 4 株菌耐酸碱能力较差, 均不能在 pH 值 10.0 和 pH 值 5.0 的条件下生长。

以 28 °C 生长菌株为对照, 所有供试菌株可在 10 °C 时生长, 除菌株 R08、R15 外, 所有菌株在 4 °C 时不能生长; 85% 的菌株在 45 °C 时生长旺盛, 6 株菌可在 55 °C 条件下生长, 其中 L07、L19 和 R11 仍然长势良好, 表现出极强的耐高温性能。

3 讨论

内生细菌系统地存在于植物各种组织中, 在植物体中的分布具有普遍性、多样性的特点, 是植物微生态系统的重要组成部分, 在长期的协同进化过程中, 与植物形成了互惠互利的关系^[7]。植物内生菌的生境特殊性决定了其既有理论研究的广度和深度, 又有广泛的应用潜力, 是个潜力巨大、尚待开发的微生物新资源。

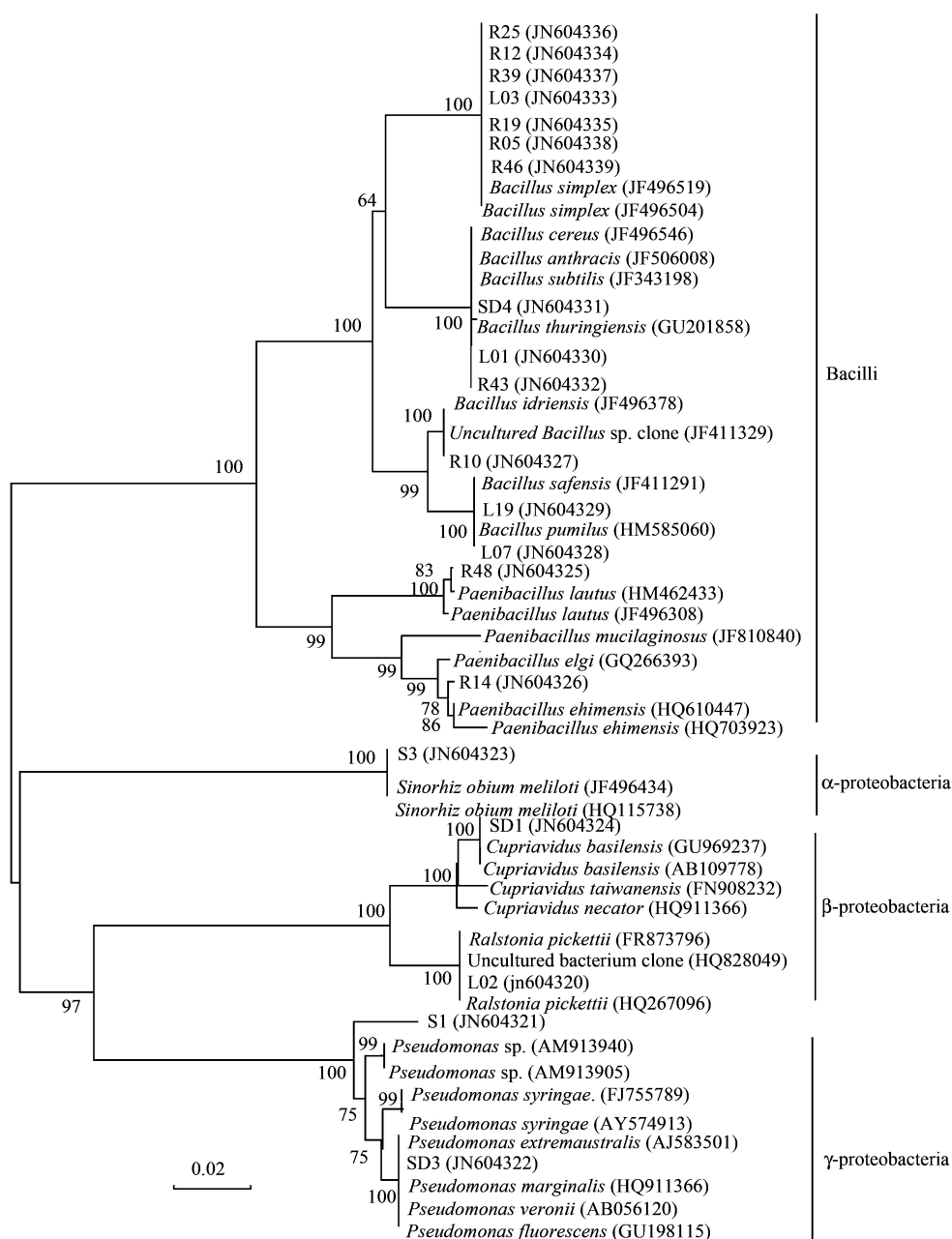


图5 小叶锦鸡儿内生细菌 16S rDNA 系统发育树状图

Fig. 5 Phylogenetic trees of endophytic bacteria from *C. microphylla* based on the 16S rDNA sequences

本研究运用 16S rDNA-RFLP 及序列分析法对宁夏荒漠草原固沙植物小叶锦鸡儿各部分组织内生细菌多样性进行了分析,结果表明分离的 78 株内生细菌分属芽孢杆菌纲(Bacilli)和变形杆菌纲(proteobacteria)的 5 个科 6 个属,在科级和属级水平上多样性较为单一,不同组织中内生细菌的种类和数量均有差异。根部细菌密度大,分离数量多,89.6% 的菌株隶属于芽孢杆菌属,另外 10.4% 隶属于类芽孢杆菌属。叶部细菌分离数量次于根部,70% 隶属于芽孢杆菌属,30% 隶属于伯克氏菌科的罗尔斯顿菌属 *Ralstonia*。茎部和种子虽然分离出的菌株数目少,但其多样性相对较丰富,分布于芽孢杆菌属、假单胞菌属、中华根瘤菌属和贪铜菌属。有研究表明,烟草、甜玉米和棉花的根中内生细菌数量最多,茎次之,叶最少,而水稻、大豆根部内生细菌最多,叶次之,茎和种子最少^[8-10]。史应武等对天山北坡甜菜内生细菌多样性的研究表明,甜菜根中内生菌的多样性高于茎和叶^[11]。Rosenblueth 认为内生菌在植株体内的分布通常下部组织多于上部组织,越往植株顶部,内生

菌越少^[12]。本研究从小叶锦鸡儿根部分离出的细菌数量最多,叶部次之,茎部和种子最少,与水稻、大豆内生细菌的分布特征相似。已有的研究证实,由于生活在活体植物组织中,内生菌的生长代谢受多方面因素的制约,其分布特征和群落结构不仅受到宿主植物的影响,还受外界环境因子的影响,环境条件和宿主基因型决定内生菌的遗传多样性,即使是同一种植物,不同组织中内生细菌的种类和数量也不尽相同,存在复杂的多样性^[13-17]。小叶锦鸡儿内生细菌的多样性与其它植物相比较为单一,其原因可能是宿主植物长期生长于干旱少雨、土壤贫瘠、植被单一的荒漠化草原,这种极端干旱的环境直接影响着植物的生长代谢,从而也会间接影响到其体内内生细菌的多样性与生长代谢。此外,由于受细菌生长条件和培养基选择性的限制,一些细菌由于不适应人工提供的培养条件而不能被分离鉴定出来,这样得出的细菌多样性可能会偏离实际情况,不能真正显示组织中细菌的多样性及种群结构,造成多样性的丢失。

植物可以看作是被许多不同的细菌开发的不同生境的复杂的微生态系统。在植物微生态系统中,不同的内生菌可以占据不同的生态位,他们相互作用,在植物体内维持着微生态的平衡^[18]。目前发现的植物内生细菌大多为土壤微生物种类,其中假单胞菌属(*Pseudomonas*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、肠杆菌属(*Enterobacter*)以及土壤杆菌属(*Agrobacterium*)为最常见的属。本研究表明芽孢杆菌属细菌是小叶锦鸡儿分离频率最高的菌群(87.2%的分离菌株属于芽孢杆菌属),该属分布于小叶锦鸡儿所有组织中,属于优势类群,这与目前的一些研究结果一致^[11,19-20]。据报道,芽孢杆菌属的一些种类对外界有害因子抵抗力强,菌体生长过程中产生的枯草菌素、制霉菌素等多种活性物质对植物病原菌有明显的抑制作用^[21];苏云金芽孢杆菌由于能产生 δ -内毒素,对鳞翅目等昆虫的幼虫有毒杀作用而用于制造生物农药,是常用的生防资源菌^[22]。此外,通过16S rDNA序列分析,发现小叶锦鸡儿内生细菌与许多具有重要生态学功能的细菌有着很高的同源性。如菌株S3与中华根瘤菌属的菌株同源,该类细菌能与豆科植物共生固氮;芽孢杆菌属、假单胞菌属、类芽孢杆菌属的许多菌株可以分泌吡啶乙酸或赤霉素等,能有效促进植物的生长、抑制多种病原菌活性、显著提高植物的抗病性^[23-24];有些菌株还能够降解环境中的多种污染物如苯酚、苯胺、甲胺磷等,对环境污染的治理和土壤修复具有重要作用^[25-26];罗尔斯顿菌属和贪铜菌属的部分菌株在重金属抗性方面具有非常显著的优势,有望成为待开发的重金属生物修复优良菌剂^[27-28]。这一结果也预示着小叶锦鸡儿组织内部蕴藏着丰富的可开发利用的微生物类群。

在抗逆性实验中,供试菌株表现出不同的耐盐、耐酸碱和抵抗高低温的能力。总体上根部细菌的抗逆能力普遍较强。其中,经16S rDNA序列测定鉴定为芽孢杆菌属的L07、L19和R11这3株菌的抗逆性最为显著,可以耐受10%的NaCl,在pH值5.0—12.0的酸碱范围内都能生长良好,而且表现出极强的耐高温能力,在55℃时仍然生长旺盛。高温干旱是动植物和微生物生长发育的限制因子,但这种生态条件同时亦会赋予植物及其内生菌较强的抗逆性。不论是宿主植物还是细菌,均经自然选择不断适应干旱环境,表现出耐盐、耐酸碱、耐高温的特性。本研究的供试菌株及其宿主植物分布于干旱半干旱的荒漠区,土壤盐碱化程度较高,它们所具有的特殊性状可能是其在长期逆境胁迫下,经过双重选择,逐渐进化、适应生态环境的结果,是物种生态系统功能正常发挥的有效保障。

作为防风固沙的先锋物种,小叶锦鸡儿的生态学意义远大于其经济学意义,而干旱贫瘠的土壤生态条件必然会影响到其体内共生微生物在遗传特性、群落组成和分布上的差异。本研究通过16S rDNA序列分析法表明宁夏荒漠草原固沙植物小叶锦鸡儿各部分组织内生细菌的种群结构、抗逆能力存在较大差异,芽孢杆菌属是其优势内生菌群,这些内生细菌是否具有促生作用、它们通过何种途径作用于宿主植物来实现抗性机能的统一,有待深入研究。

References:

- [1] Hallmann J, Quadt-Hallmann A, Mahaffee W F, Kloepper J W. Bacterial endophytes in agricultural crops. *Canadian Journal of Microbiology*, 1997, 43(10): 895-914.
- [2] Newcombe G, Shipunov A, Eigenbrode S D, Raghavendra A K H, Ding H, Anderson C L, Menjivar R, Crawford M, Schwarzländer M. Endophytes influence protection and growth of an invasive plant. *Communicative and Integrative Biology*, 2009, 2(1): 29-31.

- [3] Ryan R P, Germaine K, Franks A, Ryan D J, Dowling D N. Bacterial endophytes: recent developments and applications. *FEMS Microbiology Letters*, 2008, 278(1): 1-9.
- [4] Niu X W. The distribution and description of *Caragana* Fabr. in China. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 1999, 19(5): 107-133.
- [5] Weisburg W G, Barns S M, Pelletier D A, Lane D J. 16S ribosomal DNA amplication for phylogenetic study. *Journal of Bacteriology*, 1991, 173(2): 697-703.
- [6] He H B, Jia K F, Jia G X, Ding Q. A preliminary study on the stress resistance of rhizobia isolated from *Ammopiptanthus mongolicus*. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2006, 30(1): 140-146.
- [7] Andreote F D, Azevedo J L, Araújo W L. Assessing the diversity of bacterial communities associated with plants. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2009, 40(3): 417-432.
- [8] Ma G H, Xiao C G. Population dynamics of endophytic bacteria in symptom-free tobacco plants. *Journal of Microbiology*, 2004, 24(4): 7-11.
- [9] Ikeda S, Okubo T, Anda M, Nakashita H, Yasuda M, Sato S, Kaneko T, Tabata S, Eda S, Momiyama A, Terasawa K, Mitsui H, Minamisawa K. Community and genome-based views of plant-associated bacteria: plant-bacterial interactions in soybean and rice. *Plant and Cell Physiology*, 2010, 51(9): 1398-1410.
- [10] Kuklinsky-Sobral J, Araújo W L, Mendes R, Geraldi I O, Pizzirani-Kleiner A A, Azevedo J L. Isolation and characterization of soybean-associated bacteria and their potential for plant growth promotion. *Environmental Microbiology*, 2004, 6(12): 1244-1251.
- [11] Shi Y W, Lou K, Li C. Isolation and identification of endophytic microorganisms from sugar beet and dynamic changing in the north slope of Tianshan Mountain. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(5): 2375-2382.
- [12] Rosenblueth M, Martínez-Romero E. Bacterial endophytes and their interactions with hosts. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 2006, 19(8): 827-837.
- [13] Leuchtmann A. Systematics, distribution, and host specificity of grass endophytes. *Natural Toxins*, 1992, 1(3): 150-162.
- [14] Andreote F D, Rocha U N, Araújo W L, Azevedo J L, van Overbeek L S. Effect of bacterial inoculation, plant genotype and developmental stage on root-associated and endophytic bacterial communities in potato (*Solanum tuberosum*). *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2010, 97(4): 389-399.
- [15] van Overbeek L, van Elsas J D. Effects of plant genotype and growth stage on the structure of bacterial communities associated with potato (*Solanum tuberosum* L.). *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 64(2): 283-296.
- [16] Siciliano S D, Fortin N, Mihoc A, Wisse G, Labelle S, Beaumier D, Ouellette D, Roy R, Whyte L G, Banks M K, Schwab P, Lee K, Greer C W. Selection of specific endophytic bacterial genotypes by plants in response to soil contamination. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(6): 2469-2475.
- [17] Ikeda S, Okubo T, Anda M, Nakashita H, Yasuda M, Sato S, Kaneko T, Tabata S, Eda S, Momiyama A, Terasawa K, Mitsui H, Minamisawa K. Community-and genome-based views of plant-associated bacteria: plant-bacterial interactions in soybean and rice. *Plant and Cell Physiology*, 2010, 51(9): 1398-1410.
- [18] Saikkonen K, Wäli P R, Helander M, Hansen D M. Genetic compatibility determines endophyte-grass combination. *PLoS ONE*, 2010, 5(6): 1-6.
- [19] Che J M, Liu B, Zhang Y, Hu G P, Huang Q L, Chen Z D, Weng B Q. Distribution characteristics of endophytic bacteria isolated from forage grasses. *Acta Prataculturae Sinica*, 2010, 19(3): 124-131.
- [20] Yang N, Yang B. Population dynamics of endophytic bacteria isolated from the roots of infected *Cymbidium faberi*. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, 31(5): 1203-1212.
- [21] Lee Y K, Jang Y S, Chang H H, Hyung S W, Chung H Y. A putative early response of antifungal *Bacillus lentimorbus* WJ5 against the plant pathogenic fungus, *Colletotrichum gloeosporioides*, analyzed by a DNA microarray. *The Journal of Microbiology*, 2005, 43(3): 308-312.
- [22] Navon A. *Bacillus thuringiensis* insecticides in crop protection-reality and prospects. *Crop Protection*, 2000, 19(8): 669-676.
- [23] Ramesh R, Joshi A A, Ghanekar M P. *Pseudomonads*: major antagonistic endophytic bacteria to suppress bacterial wilt pathogen, *Ralstonia solanacearum* in the eggplant (*Solanum melongena* L.). *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2009, 25(1): 47-55.
- [24] Ulrich K, Stauber T, Ewald D. *Paenibacillus*-a predominant endophytic bacterium colonising tissue cultures of woody plants. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 2008, 93(3): 347-351.
- [25] Lobos J H, Leib T K, Su T M. Biodegradation of bisphenol A and other bisphenols by a gram-negative aerobic bacterium. *Applied and Environmental Microbiology*, 1992, 58(6): 1823-1831.
- [26] Germaine K J, Liu X M, Cabellos G G, Hogan J P, Ryan D, Dowling D N. Bacterial endophyte-enhanced phytoremediation of the organochlorine herbicide 2, 4-dichlorophenoxyacetic acid. *FEMS Microbiology Ecology*, 2006, 57(2): 302-310.
- [27] Chen W M, Wu C H, James E K, Chang J S. Metal biosorption capability of *Cupriavidus taiwanensis* and its effects on heavy metal removal by nodulated *Mimosa pudica*. *Journal of Hazardous Materials*, 2008, 151(2/3): 364-371.
- [28] Duan X J, Min H. Isolation, identification and preliminary studies on the resistance gene detection of a Cd-resisting bacterium. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2004, 24(1): 154-158.

参考文献:

- [4] 牛西午. 中国锦鸡儿属植物资源研究—分布及分种描述. *西北植物学报*, 1999, 19(5): 107-133.
- [6] 何恒斌, 贾昆峰, 贾桂霞, 丁琼. 沙冬青根瘤菌的抗逆性. *植物生态学报*, 2006, 30(1): 140-146.
- [8] 马冠华, 肖崇刚. 烟草内生细菌种群动态研究. *微生物学杂志*, 2004, 24(4): 7-11.
- [11] 史应武, 娄恺, 李春. 天山北坡甜菜内生菌分离鉴定及其动态变化. *生态学报*, 2009, 29(5): 2375-2382.
- [19] 车建美, 刘波, 张彦, 胡桂萍, 黄勤楼, 陈忠钊, 翁伯琦. 几种禾本科牧草内生细菌的分布特性. *草业学报*, 2010, 19(3): 124-131.
- [20] 杨娜, 杨波. 蕙兰病株根部内生细菌种群变化. *生态学报*, 2011, 31(5): 1203-1212.
- [28] 段学军, 闵航. 一株抗镉细菌的分离鉴定及其抗性基因定位的初步研究. *环境科学学报*, 2004, 24(1): 154-158.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 32, No. 20 October, 2012 (Semimonthly)

CONTENTS

Characteristics of nitrous oxide (N ₂ O) emission from a headstream in the upper Taihu Lake Basin	YUAN Shufang, WANG Weidong (6279)
Nutrient dynamics of the litters during standing and sediment surface decay in the Min River estuarine marsh	ZENG Congsheng, ZHANG Linhai, WANG Tian'e, et al (6289)
Diversity and distribution of endophytic bacteria isolated from <i>Caragana microphylla</i> grown in desert grassland in Ningxia	DAI Jinxia, WANG Yujiong (6300)
Spatial distribution of <i>Trabala vishnou gigantina</i> Yang pupae in Shaanxi Province, China	ZHANG Yiqiao, ZONG Shixiang, LIU Yonghua, et al (6308)
Effects of drought stress on <i>Cyclobalanopsis glauca</i> seedlings under simulating karst environment condition	ZHANG Zhongfeng, YOU Yeming, HUANG Yuqing, et al (6318)
Ecosystem diversity in Jinggangshan area, China	CHEN Baoming, LIN Zhengguang, LI Zhen, et al (6326)
Niche dynamics during restoration process for the dominant tree species in montane mixed evergreen and deciduous broadleaved forests at Mulinzi of southwest Hubei	TANG Jingming, AI Xuenru, YI Yongmei, et al (6334)
Effects of different day/night warming on the photosynthetic characteristics and chlorophyll fluorescence parameters of <i>Sinocalycanthus chinensis</i> seedlings	XU Xingli, JIN Zexin, HE Weiming, et al (6343)
The effect of simulated chronic high wind on the phenotype of <i>Salsola arbuscula</i>	NAN Jiang, ZHAO Xiaoying, YU Baofeng (6354)
Responses of N and P stoichiometry on mulching management in the stand of <i>Phyllostachys praecox</i>	GUO Ziwu, CHEN Shuanglin, YANG Qingping, et al (6361)
Tree-ring-based reconstruction of the temperature variations in February and March since 1890 AD in southern Jiangxi Province, China	CAO Shoujin, CAO Fuxiang, XIANG Wenhua (6369)
Diel variations and seasonal dynamics of soil respirations in subalpine meadow in western Sichuan Province, China	HU Zongda, LIU Shirong, SHI Zuomin, et al (6376)
Effects of fire disturbance on litter mass and soil carbon storage of <i>Betula platyphylla</i> and <i>Larix gmelinii</i> - <i>Carex schmidtii</i> swamps in the Xiaoxing'an Mountains of Northeast China	ZHOU Wenchang, MU Changcheng, LIU Xia, et al (6387)
Variance analysis of soil carbon sequestration under three typical forest lands converted from farmland in a Loess Hilly Area	TONG Xiaogang, HAN Xinhui, WU Faqi, et al (6396)
Soil-property and plant diversity of highway rocky slopes	PAN Shulin, GU Bin, LI Jiaxiang (6404)
Effects of slope position on soil microbial biomass of <i>Quercus liaotungensis</i> forest in Dongling Mountain	ZHANG Di, ZHANG Yuxin, QU Laiye, et al (6412)
Responses of water quality to landscape pattern in Taihu watershed: case study of 3 typical streams in Yixing	WANG Ying, ZHANG Jianfeng, CHEN Guangcai, et al (6422)
Study on the fairness of resource-environment system of Jiangxi Province based on different methods of Gini coefficient	HUANG Heping (6431)
Simulation of the spatial pattern of land use change in China: the case of planned development scenario	SUN Xiaofang, YUE Tianxiang, FAN Zemeng (6440)
Arable land change dynamics and their driving forces for the major countries of the world	ZHAO Wenwu (6452)
Denitrification characteristics of an aerobic denitrifying bacterium <i>Deffluibacter lusatiensis</i> str. DN7 using different sources of nitrogen	XIAO Jibo, JIANG Huixia, CHU Shuyi (6463)
Study on sustainable development in nanjing based on ecological footprint model	ZHOU Jing, GUAN Weihua (6471)
Applying input-output analysis method for calculation of water footprint and virtual water trade in Gansu Province	CAI Zhenhua, SHEN Laixin, LIU Junguo, et al (6481)
Correlation analysis of spatial variability of Soil available nitrogen and household nitrogen inputs at Pujiang County	FANG Bin, WU Jinfeng, NI Shaoxiang (6489)
Characteristics of the fish assemblages in the intertidal salt marsh zone and adjacent mudflat in the Yangtze Estuary	TONG Chunfu (6501)
A comparison study on the secondary production of macrobenthos in different wetland habitats in Shenzhen Bay	ZHOU Fufang, SHI Xiuhua, QIU Guoyu, et al (6511)
Regurgitant from <i>Orgyia ericae</i> Germar induces calcium influx and accumulation of hydrogen peroxide in <i>Ammopiptanthus mongolicus</i> (Maxim. ex Kom.) Cheng f. cells	GAO Haibo, ZHANG Shujing, SHEN Yingbai (6520)
Behavior characteristics and habitat adaptabilities of the endangered butterfly <i>Teinopalpus aureus</i> in Mount Dayao	ZENG Juping, ZHOU Shanyi, DING Jian, et al (6527)
Community structure and dynamics of fig wasps in syconia of <i>Ficus microcarpa</i> Linn. f. in Fuzhou	WU Wenshan, ZHANG Yanjie, LI Fengyu, et al (6535)
Review and Monograph	
Review and trend of eco-compensation mechanism on river basin	ZHANG Zhiqiang, CHENG Li, SHANG Haiyang, et al (6543)
Definition and research progress of sustainable consumption: from industrial ecology view	LIU Jingru, LIU Ruiquan, YAO Liang (6553)
The estimation and application of the water footprint in industrial processes	JIA Jia, YAN Yan, WANG Chenxing, et al (6558)
Research progress in ecological risk assessment of mining area	PAN Yajing, WANG Yanglin, PENG Jian, et al (6566)
Scientific Note	
Litter amount and its dynamic change of four typical plant community under the fenced condition in desert steppe	LI Xuebin, CHEN Lin, ZHANG Shuoxin, et al (6575)
Effects of planting densities and modes on activities of some enzymes and yield in summer maize	LI Hongqi, LIN Haiming, LIANG Shurong, et al (6584)

《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 20 期 (2012 年 10 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 20 (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:1000717	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 70.00 元