

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

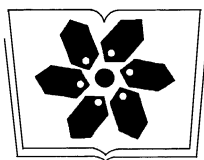
Acta Ecologica Sinica



第33卷 第15期 Vol.33 No.15 **2013**

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 33 卷 第 15 期

2013 年 8 月 (半月刊)

目次

前沿理论与学科综述

- 红树林生态系统遥感监测研究进展..... 孙永光,赵冬至,郭文永,等 (4523)
- 基于能值分析方法的都市代谢过程研究——理论与方法 刘耕源,杨志峰,陈 彬 (4539)
- 关于生态文明建设与评价的理论思考 赵景柱 (4552)

个体与基础生态

- 长江口及邻近海域秋冬季小型底栖动物类群组成与分布..... 于婷婷,徐奎栋 (4556)
- 灌河口邻近海域春季浮游植物的生态分布及其营养盐限制..... 方 涛,贺心然,冯志华,等 (4567)
- 春季海南岛近岸海域尿素与浮游生物的脲酶活性..... 黄凯旋,张云,欧林坚,等 (4575)
- 模拟酸雨对蒙古栎幼苗生长和根系伤流量的影响..... 梁晓琴,刘 建,丁文娟,等 (4583)
- 有机酸类化感物质对甜瓜的化感效应..... 张志忠,孙志浩,陈文辉,等 (4591)
- 稻田土壤氧化态有机碳组分变化及其与甲烷排放的关联性..... 吴家梅,纪雄辉,霍莲杰,等 (4599)
- 双氰胺单次配施和连续配施的土壤氮素形态和蔬菜硝酸盐累积变化..... 王煌平,张 青,翁伯琦,等 (4608)
- 不同类型土壤中分枝杆菌噬菌体分离率的比较..... 徐凤宇,苏胜兵,马红霞,等 (4616)
- 模拟酸雨对小麦产量及籽粒蛋白质和淀粉含量及组分的影响 卞雅姣,黄 洁,孙其松,等 (4623)
- 麻花秦艽种子休眠机理及其破除方法 李兵兵,魏小红,徐 严 (4631)
- 4 种金色叶树木对 SO_2 胁迫的生理响应 种培芳,苏世平 (4639)
- 硫丹及其主要代谢产物对紫色土中酶活性的影响..... 熊佰炼,张进忠,代 娟,等 (4649)

种群、群落和生态系统

- 群落水平食物网能流季节演替特征..... 徐 军,周 琼,温周瑞,等 (4658)
- 千岛湖岛屿社鼠的种群数量动态特征..... 张 旭,鲍毅新,刘 军,等 (4665)
- 黄土丘陵沟壑区不同植被区土壤生态化学计量特征..... 朱秋莲,邢肖毅,张 宏,等 (4674)
- 青藏高原高寒草甸退化与人工恢复过程中植物群落的繁殖适应对策..... 李媛媛,董世魁,朱 磊,等 (4683)
- 杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化..... 刘 丽,徐明恺,汪思龙,等 (4692)
- 不同玉米品种(系)对玉米蚜生长发育和种群增长的影响 赵 曼,郭线茹,李为争,等 (4707)
- 伏牛山自然保护区森林冠层结构对林下植被特征的影响..... 卢训令,丁圣彦,游 莉,等 (4715)
- 内蒙古武川县农田退耕还草对粪金龟子群落的影响 刘 伟,门丽娜,刘新民 (4724)
- 铜和营养缺失对海州香薷两个种群生长、耐性及矿质营养吸收的差异影响 柯文山,陈世俭,熊治廷,等 (4737)
- 新疆喀纳斯国家自然保护区植被叶面积指数观测与遥感估算..... 咎 梅,李登秋,居为民,等 (4744)

景观、区域和全球生态

基于 LUCC 的生态系统服务空间化研究——以张掖市甘州区为例 梁友嘉,徐中民,钟方雷,等 (4758)

人工管理和自然驱动下盐城海滨湿地互花米草沼泽演变及空间差异 张华兵,刘红玉,侯明行 (4767)

基于 PCA 的滇西北高原纳帕海湿地退化过程分析及其评价 尚 文,杨永兴,韩大勇 (4776)

基于遥感和地理信息系统的图们江地区生态安全评价..... 南 颖,吉 喆,冯恒栋,等 (4790)

呼中林区森林景观的历史变域模拟及评价..... 吴志丰,李月辉,布仁仓,等 (4799)

降水时间对内蒙古温带草原地上净初级生产力的影响..... 郭 群,胡中民,李轩然,等 (4808)

研究简报

我国中东部不同气候带成熟林凋落物生产和分解及其与环境因子的关系.....

..... 王健健,王永吉,来利明,等 (4818)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 304 * zh * P * ¥90.00 * 1510 * 32 * 2013-08



封面图说:石质山区的退耕还林——桂西北地区是我国喀斯特集中分布的地区之一,这里的石漠化不仅造成土地退化、土壤资源逐步消失、干旱缺水和土地生产力下降,而且还导致生态系统退化和植被消亡。桂西北严重的地质生态环境问题,威胁着当地居民的基本生存,严重制约了当地社会经济的发展。增加植被覆盖是防治石漠化的重要举措。随着国家退耕还林、生态移民等治理措施的实施,区域植被碳密度显著增加,生态环境有所好转。图为喀斯特地区农民见缝插针用来耕种的鸡窝地(指小、碎、分散的土地),已经退耕还林了。

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

DOI: 10.5846/stxb201205020628

刘丽,徐明恺,汪思龙,张倩茹,王楠,潘华奇,胡江春. 杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化. 生态学报, 2013, 33(15): 4692-4706.

Liu L, Xu M K, Wang S L, Zhang Q R, Wang N, Pan H Q, Hu J C. Effect of different *Cunninghamia lanceolata* plantation soil qualities on soil microbial community structure. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(15): 4692-4706.

杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化

刘 丽¹, 徐明恺¹, 汪思龙^{1,2}, 张倩茹³, 王 楠³, 潘华奇³, 胡江春^{3,*}

(1. 中国科学院沈阳应用生态研究所/森林与土壤生态国家重点实验室, 沈阳 110016;

2. 中国科学院会同森林生态实验站, 湖南 418307; 3. 中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 110016)

摘要:以中国科学院会同森林生态站自然林、杉木连栽林和杉木阔叶树混交林地土壤为研究对象,采用 PCR-DGGE、DNA-sequencing 和主成分分析(PCA)等方法分析土壤微生物群落结构变化及其与土壤质量变化之间的关系。结果表明,该地区杉木人工林土壤中细菌优势种群为 α -、 β -、 γ -proteobacteria 和 Cytophaga-Flexibacter-Bacterioides (CFB) 类群;真菌优势种群为子囊菌 (Ascomycetes) 和担子菌 (Basidiomycetes) 亚门的种属。杉木人工林替代自然林后,土壤细菌多样性指数显著降低,且随连栽代数增加呈持续降低趋势;杉木人工林土壤中与 *Pedobacter cryoconitis* 亲缘关系密切的细菌种群消失,出现与 *Xanthomonas* sp. 和 *Rhodanobacter* sp. 亲缘关系密切的细菌种群。土壤真菌群落结构的变化与细菌相反,杉木人工林替代自然林后并不断连栽时,土壤真菌多样性指数呈现上升的趋势,自然林土壤中优势真菌种群在杉木三代林中消失。杉木与火力楠或桉木混交后土壤细菌和真菌种群结构与自然林类似。土壤细菌多样性指数与土壤总有机碳、全氮、可溶性有机碳、铵态氮、速效磷、速效钾含量以及土壤 pH 值呈显著正相关关系 ($P < 0.05$)。土壤真菌多样性指数仅与土壤碳氮比呈显著正相关关系,而与土壤 pH 值呈显著负相关关系。杉木林土壤质量变化对土壤细菌和真菌优势种群有较大影响,细菌 *Burkholderia* sp.、*Pedobacter* sp.、*Xanthomonas* sp. 和真菌 *Sclerotinia sclerotiorum*、*Mycosphaerella cannabis* 可能是引起土壤质量变化的关键种群。

关键词:杉木人工林;微生物群落;DGGE;PCA;土壤质量

Effect of different *Cunninghamia lanceolata* plantation soil qualities on soil microbial community structure

LIU Li¹, XU Mingkai¹, WANG Silong^{1,2}, ZHANG Qianru³, WANG Nan³, PAN Huaqi³, HU Jiangchun^{3,*}

1 State Key Laboratory of Forest and Soil Ecology, Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China

2 Huitong Experimental Station of Forest Ecology, Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Hunan 418307, China

3 Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China

Abstract: Polymerase Chain Reaction- Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (PCR-DGGE), DNA-sequencing, and Principal Component Analysis (PCA) technologies were adopted to assess the soil microbial community structure changes during the evolution of *Cunninghamia lanceolata* plantation soil quality. The relationship between soil microbial community structure and soil quality changes was analyzed from *C. Lanceolata* plantations with different soil qualities at the Huitong Experimental Station of Forest Ecology, CAS. The dominant species of soil bacteria in the *C. Lanceolata* plantations in this region are α , β , γ -proteobacteria, and Cytophaga Flexibacter Bacterioides (CFB). The dominant species of fungi are the

基金项目:国家自然科学基金项目(41101221, 40801093, 40801202)

收稿日期:2012-05-02; 修订日期:2012-11-15

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: huje@iae.ac.cn

Ascomycetes and Basidiomycetes subphylum species. The Shannon index showed that bacterial diversity associated with monospecific *C. lanceolata* plantations was lower than that of the natural forest or mixed *C. lanceolata* plantations. With continuous planting of artificial fir, the index continues to decrease. The replacement of natural forest with artificial fir also affects microbial species composition. For example, bacteria species with a close phylogenetic relationship to *Pedobacter cryoconitis* disappear from the artificial fir plantation soil. However, bacteria species with a close phylogenetic relationship to *Xanthomonas* sp. and *Rhodanobacter* sp. begin to appear in the soil of the continuously planted artificial fir forest. The pattern of change in the fungi community structure is opposite to that in the bacteria community. When the artificial fir forest replaces the natural forest, artificial fir is continuously planted, and the soil fungi diversification index continues to increase. The fungi community structure varies significantly between the third generation of artificial fir forest and the natural forest. Some fungi became dominant in the third generation of artificial fir forest, including *Sclerotinia sclerotiorum*, *Mycosphaerella cannabidis* and *Marasmius graminum*. Other research has shown that *S. sclerotiorum* and *M. cannabidis* can cause a variety of plant diseases, and *M. graminum* is a litter decomposition bacterium. The dominant fungi species originally existing in the natural forest soil disappear from the third generation artificial fir forest soil. The soil bacteria and fungi community structures of the mixed *C. lanceolata*-*Michelia macclurei* and *C. lanceolata*-*Alnus cremastogyne* plantations are similar to the dominant edaphon species in the natural forest. This study evaluated the relationship between soil quality evolution and changes in microbial communities and functional groups by correlation analysis. The soil bacteria diversification index has a positive correlation with the total organic carbon (TOC), total nitrogen (TN), extracted Carbon (C_{ext}), ammoniacal nitrogen (NH_4^+-N), available potassium, available phosphorus and pH of the soil. The fungi diversification index change is positively correlated with the C:N ratio in the soil but negatively correlated with the pH. These findings suggest that different silvicultural practices have significant impacts on the soil microbial community through influences on soil chemical properties. There were significant correlations between soil quality evolution and changes in dominant soil microorganism species and soil quality change is related to the dominant species changes in soil bacteria and fungi. For example, *Burkholderia* sp. and *Pedobacter* sp. can dissolve phosphorus and potassium and the pathogenic bacteria *Xanthomonas* sp., and pathogenic fungi *S. sclerotiorum* and *M. cannabidis* can cause plant diseases. The dominance of these species changes with soil quality evolution from natural forest to artificial fir plantations.

Key Words: *Cunninghamia lanceolata* plantation; microbial communities; DGGE; PCA; soil quality

杉木 *Cunninghamia Lanceolata* 是我国亚热带主要的造林树种,在我国南方林业生产中占有重要的地位。近几十年来,杉木人工林取代自然林并不断连栽引起的土壤质量恶化,生产力下降等问题凸显,严重制约了杉木人工林可持续发展^[1-3]。针对杉木纯林和连栽带来的种种弊端,我国学者提出通过混交和轮栽等经营模式来缓解杉木纯林和连栽造成的土壤质量退化,达到恢复土壤肥力,提高杉木人工林可持续生产力的目的^[4]。土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,几乎所有的土壤过程都直接或间接的与土壤微生物有关^[5]。许多学者认为森林土壤微生物及其生态功能变化是土壤质量演变的关键过程,并围绕土壤微生物和功能群开展了大量的研究^[6-7]。在我国南方,随着天然阔叶林被人工林所取代,加上人工林经营管理措施(混交林模式)的影响,土壤微生物群落结构、种群多样性及功能群会随土壤质量发生改变,进而可以反映出生态系统土壤质量受损程度或恢复潜力。在评价人工林经营管理措施时,及时有效的监测土壤微生物及功能群变化,可为实现退化土壤生态系统恢复和人工林可持续经营提供理论依据,对揭示人工林经营引起土壤质量演变的微生物学机理具有重要意义。

当前,随着分子生物学技术的快速发展,许多方法和理念被应用到土壤微生物生态研究中,并因此而逐渐形成了一个新的研究方向——土壤微生物分子生态学^[8],极大的丰富了人们对土壤生态系统中不可培养微生物及其群落的认识^[9]。我国有关土壤微生物与杉木人工林土壤质量变化的研究,主要局限于采用传统

方法研究土壤微生物数量、生化作用等方面^[10-11]。然而,不同人工林经营模式(连栽和混交)引起的杉木人工林土壤质量变化对土壤微生物(细菌和真菌)的群落结构和多样性产生怎样的影响?有哪些关键种群发生变化?微生物群落结构,多样性和关键种群变化与杉木人工林土壤退化/恢复之间有怎样的关系?针对这些问题,传统微生物学方法已远远不能解决。因此,尝试从分子水平来解释这些科学问题是本研究的目的,同时旨在揭示人工林经营导致土壤质量演变的微生物分子生态学机理。

1 材料与方法

1.1 研究区域与样地概况

研究地位于湖南省会同县中国科学院会同森林生态实验站(109°36'E, 26°51'N),海拔 200—500 m,为低山丘陵地貌,属亚热带湿润气候,年均气温 16.5 °C,年均降雨量约 1200 mm,年均相对湿度 80%,土壤为红黄壤,由板页岩发育而成,土层厚度约 50 cm。地带性植被类型为典型的亚热带常绿阔叶林,组成树种多以栲树(*Castanopsis* spp.)和石栎(*Lithocarpus* spp.)为主。但是,由于人为活动的影响,原有地带性森林植被破坏严重,而代之以杉木(*C. lanceolata*)为主的人工林和马尾松(*Pinus massoniana*)为主的或以马尾松和白栎(*Quercus fabri*)、枫香(*Liquidambar formosana*)等为主的次生常绿针叶、阔叶混交林。

研究样地分为两组,一组为杉木连栽林试验地,另外一组为杉木混交林试验地。每一组试验地的坡度、坡向和海拔等立地条件一致。第 1 组试验地包括:常绿阔叶林(NF, native forest),平均林龄为 41a,到 2007 年 4 月为止面积为 10 hm²;杉木一代林(FCF, first-generation *C. lanceolata* plantation),1983 年春在部分 NF 皆伐地上营造;杉木二代林(SCF, second-generation *C. lanceolata* plantation),1983 年春在 21 年生杉木一代林皆伐地上营造;杉木三代林(TCF, third-generation *C. lanceolata* plantation),1983 年春在 21 年生杉木二代林皆伐地上营造。3 种杉木纯林种植密度 2000 株/hm²,每种林份面积达到 3 hm²。第 2 组试验地营造于 1990 年,1989 年秋杉木一代林皆伐后营造的杉木二代林(CF, *C. lanceolata* plantation)、杉木火力楠混交林(CFM, *C. lanceolata* -*Michelia macclurei* mixed plantation)、杉木桉木混交林(CFA, *C. lanceolata* -*Alnus cremastogyne* mixed plantation)和杉木刺楸混交林(CFK, *C. lanceolata* -*kalopanax septemlobus* mixed plantation),每种林份面积达到 3 hm²。3 种混交林中,杉木与阔叶树的比例为 8:2,其中杉木的种植密度约为 1296 株/hm²,阔叶树的种植密度为 324 株/hm²。CF 种植密度为 1620 株/hm²。

1.2 样品采集与处理

2007 年 4 月在上述 8 个森林类型中按照坡面由左至右分别设置 3 个样方(10 m×10 m),在每个样方内设 4 个采样点,除去表层凋落物后采集 0—10 cm 土壤,混合,去除植物残体和石子,过 2 mm 土壤筛,均匀分成 3 份,一份置于 4 °C 冰箱冷藏,另一份置于 -20 °C 冰箱冷冻,供土壤微生物 DGGE 分析实验;第 3 份置室内自然风干、磨碎、过 100 目孔径筛,用于土壤理化性质分析。

1.3 测定方法

1.3.1 土壤化学性质的测定

土壤 pH 测定,将风干供试土样制成土:水为 1:2 的混合液,静置 30 min,然后用酸度计测定。土壤总有机碳和全氮测定,将风干供试土样过 100 目土壤筛,准确称取 1.0000 g 土样,土壤总有机碳和全氮采用元素分析仪 vario EL III(Elementar, Germany)直接测定。土壤可溶性有机碳测定采用文献^[12]的方法测定,供试土壤冷水浸提有机碳。土壤速效养分测定,土壤铵态氮、硝态氮、速效磷和速效钾的测定参照文献^[13]。

1.3.2 土壤微生物总 DNA 提取与纯化

土壤细菌总 DNA 提取参照文献^[14]。土壤真菌总 DNA 提取参照文献^[15]。粗 DNA 采用 DNA 胶纯化试剂盒 Kit Ver. 2.0(TaKaRa)进行纯化,纯化方法参照操作说明进行。

1.3.3 PCR-DGGE

以不同土壤样品的总 DNA 为模板,土壤细菌 16S rDNA 特异片段用细菌通用引物 GC+341f-907r^[16]进行 PCR 扩增。土壤真菌 28S rDNA 特异片段采用通用引物 GC+U1-U2^[17]进行扩增。PCR 和 DGGE 条件采用

文献^[18]。

1.3.4 特征条带测序和系统发育分析

DGGE 特征条带在无菌操作下用刀片切下,放入 EP 管中,加入 30 μL TE (10 mmol/L Tris-HCl; 1 mmol/LEDTA, pH 值 8.0), 4 $^{\circ}\text{C}$ 过夜处理。待胶中 DNA 溶出后,取 3 μL 作为模板,再次进行 PCR 扩增,并用 DGGE 确认扩增结果与切胶迁移位置是否一致。确认一致后,以不带 GC 夹的引物进行 PCR 扩增。PCR 产物使用试剂盒纯化,委托上海生工生物工程有限公司测序。将所得序列登录 GenBank。应用 GenBank 提供的 Blast 进行同源性比较,并将最邻近的序列保存为 FASTA 格式。利用 Clustal 软件进行多序列比对并生成 ALN 格式文件,利用 MEGA4.0 软件包中的 Seqboot 软件进行分析,并应用邻接法构建系统发育树,确定所测序列微生物克隆的系统发育地位。

1.4 计算和统计方法

运用主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA) 综合评价不同杉木人工林生态系统土壤肥力质量现状,确定不同杉木人工林土壤质量的变化趋势。运用图像分析软件 Quantity One (4.6.2) 分析 DGGE 图谱。利用 DGGE 图谱的数字化结果计算土壤样品微生物群落的 Shannon-Wiener 指数 (H')、丰富度 (S) 和均匀度 (E_H),以此来评价土壤微生物群落结构多样性的变化。数据的方差分析、标准误差和相关性分析均采用 SPSS 13.0 软件进行,作图采用 ORIGIN 6.0 软件进行。

2 结果与分析

2.1 杉木人工林土壤质量变化主成分分析

表 1 中显示不同杉木人工林土壤养分、pH 值和 C/N 比的变化。鉴于单一分析各个指标难以明确各杉木人工林土壤质量的变化,因此采用 PCA 方法分析土壤质量的变化趋势。

表 1 不同杉木人工林土壤性质变化

Table 1 Soil properties of the different plantations

林份 Plantations	pH (H_2O)	总有机碳 TOC /(g/kg)	全氮 TN /(g/kg)	铵态氮 NH_4^+-N /(mg/kg)	硝态氮 NO_3^--N /(mg/kg)	速效钾 Available K /(mg/kg)	速效磷 Available P /(mg/kg)	碳氮比 C/N ratio
连栽林地 Successive plantations								
NF	4.66 $\pm$ 0.1ab	48.7 $\pm$ 5.6a	3.61 $\pm$ 0.3a	11.7 $\pm$ 1.1a	16.1 $\pm$ 0.9a	177.8 $\pm$ 5.5a	2.56 $\pm$ 0.3a	13.5a
FCF	4.43 $\pm$ 0.1b	32.1 $\pm$ 1.3b	2.05 $\pm$ 0.2b	8.33 $\pm$ 0.9b	15.4 $\pm$ 0.6a	148.2 $\pm$ 0.5b	2.26 $\pm$ 0.1ab	15.6a
SCF	4.73 $\pm$ 0.1a	29.4 $\pm$ 4.1bc	1.86 $\pm$ 0.6c	10.6 $\pm$ 0.9a	14.7 $\pm$ 0.8a	153.1 $\pm$ 0.8b	2.17 $\pm$ 0.2b	15.8b
TCF	4.10 $\pm$ 0.1c	21.9 $\pm$ 0.8c	1.38 $\pm$ 0.5c	7.06 $\pm$ 0.7b	11.2 $\pm$ 1.3b	84.2 $\pm$ 0.8c	1.72 $\pm$ 0.2c	15.8b
混交林地 Mixed plantations								
CF	4.78 $\pm$ 0.1a	19.2 $\pm$ 1.1a	1.81 $\pm$ 0.4a	7.12 $\pm$ 0.9a	6.97 $\pm$ 0.8a	105.0 $\pm$ 0.8a	2.22 $\pm$ 0.2a	10.6a
CFM	4.96 $\pm$ 0.1b	22.5 $\pm$ 3.1b	1.91 $\pm$ 0.6b	10.7 $\pm$ 0.4b	8.98 $\pm$ 0.4b	171.8 $\pm$ 1.3b	2.24 $\pm$ 0.3a	11.6b
CFA	4.91 $\pm$ 0.1c	15.5 $\pm$ 2.4c	1.43 $\pm$ 0.5c	5.79 $\pm$ 0.6c	11.5 $\pm$ 0.7c	146.7 $\pm$ 0.5c	2.21 $\pm$ 0.2a	10.9a
CFK	4.87 $\pm$ 0.1c	11.1 $\pm$ 2.3d	1.17 $\pm$ 0.1d	5.61 $\pm$ 0.7c	5.51 $\pm$ 0.6d	112.4 $\pm$ 0.5d	1.76 $\pm$ 0.1b	9.53c

不同字母表示数值之间存在显著性差异 $P<0.05$; NF: 常绿阔叶林 Native forest; FCF: 杉木一代人工林 First-generation *C. lanceolata* plantation; SCF: 杉木二代人工林 Second-generation *C. lanceolata* plantation; TCF: 杉木三代人工林 Third-generation *C. lanceolata* plantation; CF: 杉木人工林 *C. lanceolata* plantation; CFM: 杉木火力楠混交林 *C. lanceolata* -*M. macclurei* mixed plantation; CFA: 杉木桉木混交林 *C. lanceolata* -*A. cremastogyne* mixed plantation; CFK: 杉木刺楸混交林 *C. lanceolata* -*K. septemlobus* mixed plantation

运用 PCA 方法综合分析土壤养分变化,以各主成分特征贡献率为权重,加权计算各林地土壤质量综合主成分值(表 2)。主成分值是数值经过标准化后计算的结果,正负不表示实际意义,只表示相对大小。土壤质量综合主成分数值显示,杉木人工林取代自然林导致土壤质量明显降低,并且连栽的造林模式亦导致土壤质量下降,土壤质量变化趋势为:自然林>杉木一代林>杉木二代林>杉木三代林,可见长期单一种植杉木人工林会引起土壤质量衰退(表 2,图 1)。杉木火力楠混交林土壤质量综合主成分值显著高于杉木纯林及其他两种杉阔混交林,说明杉木与火力楠混交后使土壤质量明显改善;杉木与桉木混交后土壤综合主成分值虽然有所

增加,但是却不显著,杉木与刺楸混交后土壤综合主成分值不但没有增加,却显著下降,可见杉木与桉木、刺楸混交并未达到改善杉木人工林土壤质量的目的(表2,图1)。

表2 不同杉木人工林土壤质量主成分数值

Table 2 The values of the principal components associated with PCA of soil fertility in different plantations

	PC1	PC2	PC		PC1	PC2	PC
NF	4.27(0.08)a	0.39(0.56)a	3.11(0.13)a	CF	-1.52(0.47)a	0.81(0.16)a	-0.83(0.38)a
FCF	1.30(0.51)b	-1.09(0.29)b	0.58(0.44)b	CFM	0.56(0.31)b	1.49(1)a	0.84(0.5)b
SCF	1.11(0.4)b	-1.07(1)b	0.46(0.05)b	CFA	-0.85(0.19)c	1.15(0.31)a	-0.25(0.22)a
TCF	-1.91(0.46)c	-2.59(0.41)c	-2.11(0.34)c	CFK	-2.96(0.12)d	0.92(0.09)a	-1.80(0.11)c

表中数值为 PC1、PC2 和 PC,表示 PCA 分析中的主成分标准化数值

通过主成分分析,将多维的土壤养分变量降维成两个变量进行分析,即第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2),其中 PC1 贡献率达到 54.49%,PC2 贡献率达到 23.22%,二者累计贡献率达到 77.71%,因此这两个主成分就能够解释原始变量。表3中列出初始因子在 PC1 和 PC2 上的负荷矩阵,其中土壤 pH 值和碳氮比在第二主成分上有较高的负荷,说明 PC2 主要表示这两个初始变量的信息;其它初始因子在第一主成分上有较高负荷,说明第一主成分表示了除土壤 pH 值和碳氮比以外的土壤性质的信息。根据 PC1 和 PC2 的标准化数值作图(图1),可以综合直观的分析不同杉木人工林土壤质量变化趋势,避免了采用单纯分析某一土壤理化性质改变而确定森林土壤质量变化趋势的弊端。

表3 主成分分析因子负荷矩阵

Table 3 Component matrix of PCA

	成分 Component			成分 Component	
	PC1	PC2		PC1	PC2
pH (H ₂ O)	0.005	0.897	总有机碳 TOC	0.884	-0.283
全氮 TN	0.844	0.183	碳氮比 C/N ratio	0.431	0.790
可溶性碳 Extractable C	0.814	0.207	铵态氮 NH ₄ ⁺ -N	0.831	-0.033
硝态氮 NO ₃ ⁻ -N	0.798	-0.426	速效钾 Available K	0.813	0.396
速效磷 Available P	0.759	0.406			

由图1可知,NF、FCF、SCF、TCF 在 PC1 和 PC2 上逐渐分离,并且在 PC1 上的分离较大,说明随着连栽代数的增加杉木人工林土壤质量与自然林之间的差距拉大;FCF、SCF 在图中未分离,说明杉木一、二代林土壤质量相似;TCF 与 FCF、TCF 明显分离,可见连栽杉木人工林在多代连栽的情况下土壤质量改变较大,这与综合主成分值分析的土壤质量变化趋势结果相一致。

CFM、CFA、CF 和 CFK 在 PC1 上逐渐分离,在 PC2 上分离较小,说明这几种土壤 pH 值和碳氮比变化较小,而其它养分因子变化较剧烈;CF 与 CFA 在 PC1 上分离很小,而与其它两种混交林分离较明显,这与表2中的综合主成分值分析相一致,说明杉木桉木混交后土壤质量变化不明显。可见在采用混交模式进行林地土壤质量恢复过程中,杉木与火力楠混交能够明显改善土壤质量。

2.2 土壤细菌群落 DGGE 分析

应用本实验中的总 DNA 提取方案,得到供试土壤细菌总 DNA 片段约 20 kb,纯化并稀释后做为模板,采用细菌通用引物 GC+341F-907R^[16]对 16S rRNA 基因的 V3—V8 区进行 PCR 扩增,得到 566 bp 片段。此处图省略。

根据 PCR 产物在 DGGE 指纹图谱上的条带数目和迁移的距离,16S rDNA 序列的 PCR 扩增与 DGGE 的结合运用能够从 DNA 水平区别不同微生物群落结构之间的差异。从图2中可以看出,某些条带为不同杉木人工林土壤所特有;随着杉木人工林取代自然林并不断连栽,B5 条带逐渐消失,B6、B7 逐渐显现;而 B6、B7 条带随着杉木与阔叶树混交叉逐渐减弱,而原来消失的 B5 条带逐渐恢复,伴随着 B1、B3 条带的逐渐增强,这说

明随着杉木林生态系统的变化,土壤细菌群落结构组成产生了相应改变。利用 DGGE 图谱的数字化结果计算土壤样品细菌群落的 Shannon-Wiener 指数(H')、丰富度(S)和均匀度(E_H),结果见图 3。杉木人工林取代自然林后,随着连栽代数的增加,土壤细菌多样性和丰富度不断降低($P<0.05$)。杉木与火力楠、桉木混交后细菌多样性和丰富度较杉木纯林显著提高($P<0.05$),而杉木与刺楸混交则造成进一步降低($P<0.05$),说明土壤细菌群落结构会随混交阔叶树种的不同而发生变化。

运用 PCA 对复杂的 DGGE 图谱条带进行解析,可以清晰的看出不同杉木林土壤样品细菌群落组成的差异。图 4 中显示了两组主成分,分别表示不同造林措施种植的杉木人工林土壤中微生物群落的变化趋势。DGGE 图谱条带在这两组主成分上的负荷相似,第一主成分 PC1 主要表示了条带强度大于 150 的条带信息,即图 2 中明亮清晰的条带;第二主成分主要表示条带强度在 100—150 之间的条带信息,即图 2 中清晰可见,但是亮度较弱的条带。

图 4b 显示杉木纯林和杉木混交林土壤细菌群落的变化,CF 分别与 CFM、CFA 在第一主成分 PC1 (贡献率为 48.52%)、第二主成分 PC2 (贡献率为 33.70%) 上分离,而与 CFK 在 PC1 和 PC2 上分离度都很小,位于同一象限内,说明杉木纯林和杉木刺楸混交林土壤细菌群落结构差异较小,与其他两种混交林差异较大。

如前所述,细菌 DGGE 图谱条带进行主成分分析,PC1 主要表示条带强度大于 150 的条带信息,将 DGGE 图谱中这些主要特征条带中的 7 条切下(B1—B7),经验证后测序,将所得序列登录 GenBank,获得登录号为 GQ423440—GQ423446。经系统发育分析,结果显示湖南会同地区杉木人工林土壤中细菌的优势种群为 α -proteobacteria、 β -proteobacteria、 γ -proteobacteria 和 CFB 类群(图 5)。

从不同杉木人工林土壤细菌 DGGE 图谱可看出,当杉木人工林取代自然林后,土壤细菌群落结构受到影响;亲缘关系与 *Sphingobacterium* sp.、*Pedobacter* sp.、*Burkholderia* sp. 和 *Lueifibra arvensicola* 密切的细菌种群减少;亲缘关系与 *Pedobacter cryoconitis* 密切的细菌种群受扰动较大,在杉木人工林土壤中消失;在杉木一、二和三代林土壤中均出现了亲缘关系与 *Rhodanobacter* sp. 密切的细菌种群;在连栽杉木三代林土壤中细菌群落改变最大,除与杉木一、二代林变化相同外,还出现了亲缘关系与 *Xanthomonas* sp. 密切的细菌种群(图 2a,图 5)。

杉木与阔叶树混交后,土壤细菌群落结构也发生改变;与杉木纯林土壤细菌群落相比,杉木火力楠混交林

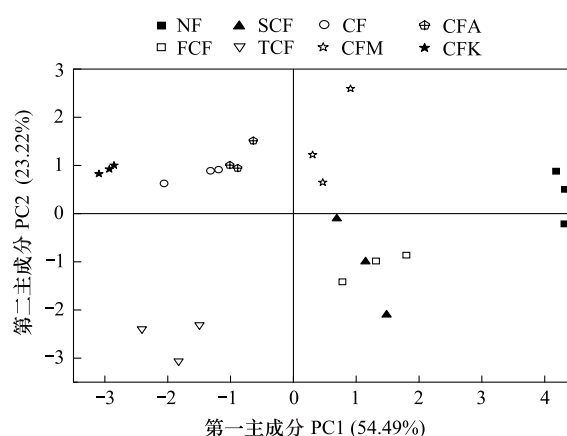


图 1 不同杉木人工林土壤质量主成分分析点图

Fig.1 Principal component (PC1 x PC2) plots generated from covariance matrix of soil physicochemical characteristics of the different plantations

NF:常绿阔叶林 Native forest;FCF:杉木一代人工林 First-generation *C. lanceolata* plantation;SCF:杉木二代人工林 Second-generation *C. lanceolata* plantation;TCF:杉木三代人工林 Third-generation *C. lanceolata* plantation;CF:杉木人工林 *C. lanceolata* plantation;CFM:杉木火力楠混交林 *C. lanceolata*-*M. macclurei* mixed plantation;CFA:杉木桉木混交林 *C. lanceolata*-*A. cremastogyne* mixed plantation;CFK:杉木刺楸混交林 *C. lanceolata*-*K. septemlobus* mixed plantation

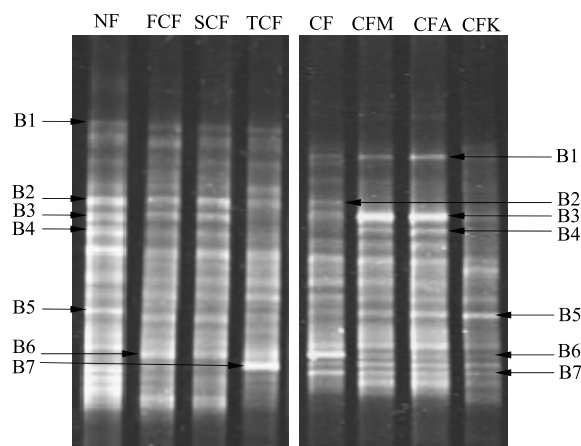


图 2 土壤细菌 16S rDNA 特异片段 PCR-DGGE 指纹图谱

Fig.2 DGGE community fingerprints of 16S rDNA fragment from soil bacteria DNA extracted from soil samples under different plantations

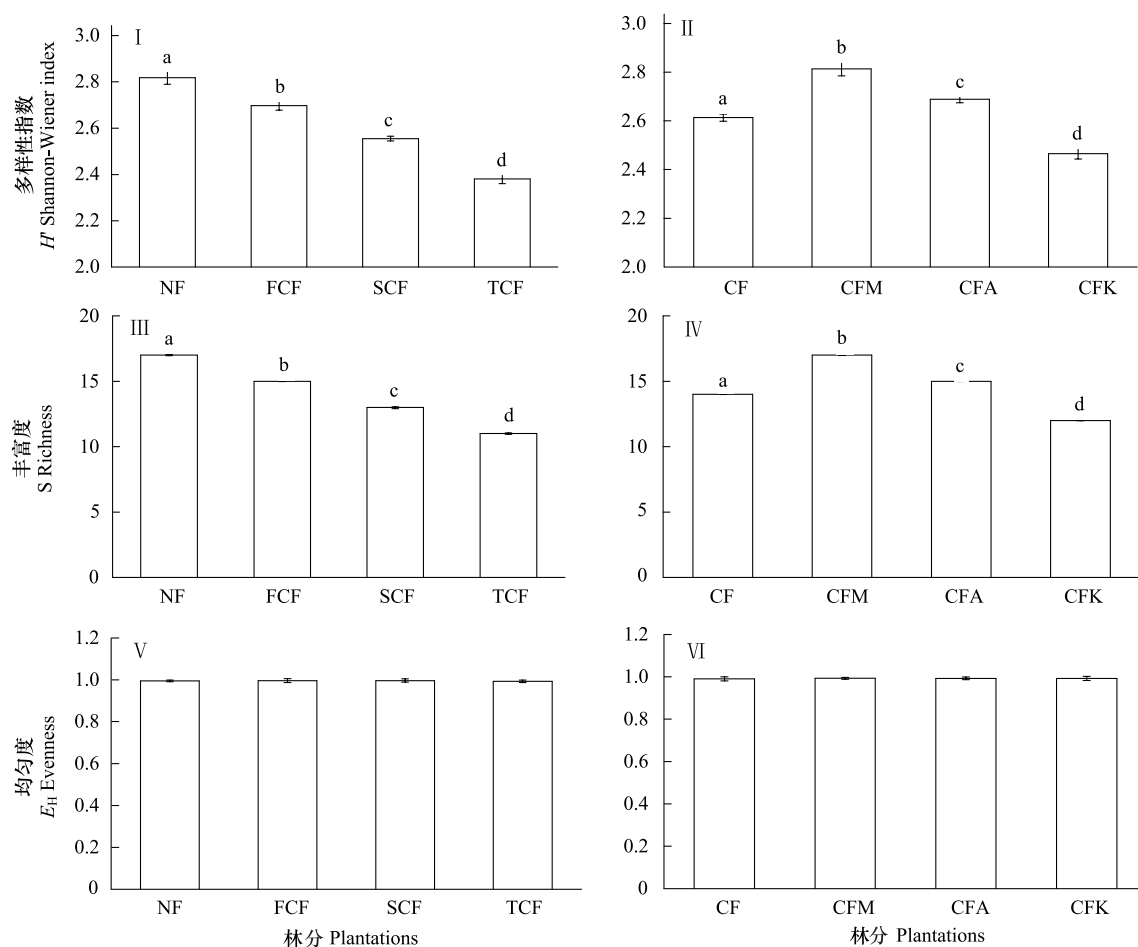


图3 不同杉木人工林土壤细菌群落基因多样性指数

Fig. 3 Genetic diversity indices of microbial communities in different plantations

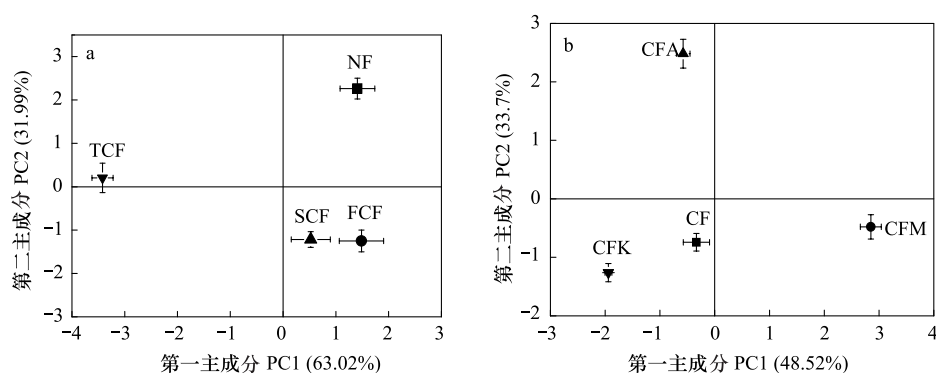


图4 不同杉木人工林土壤细菌 DGGE 指纹图谱主成分分析

Fig. 4 Principal component (PC1×PC2) plots generated from covariance matrix of B-DGGE bands obtained from soil samples under different plantations

和杉木桉木混交林土壤细菌群落多样性和丰度有所提高,与 *Burkholderia* sp.、*Luteifibra arvensicola*、*Sphingobacterium* sp. 和 *Pedobacter cryoconitis* 亲缘关系密切的细菌种群增加;杉木与刺秋混交后,土壤细菌群落多样性和丰度没有改善,与 *Sphingobacterium* sp.、*Pedobacter* sp.、*Burkholderia* sp. 和 *Luteifibra arvensicola* 亲缘关系密切的细菌群落消失(图 2b,图 5)。

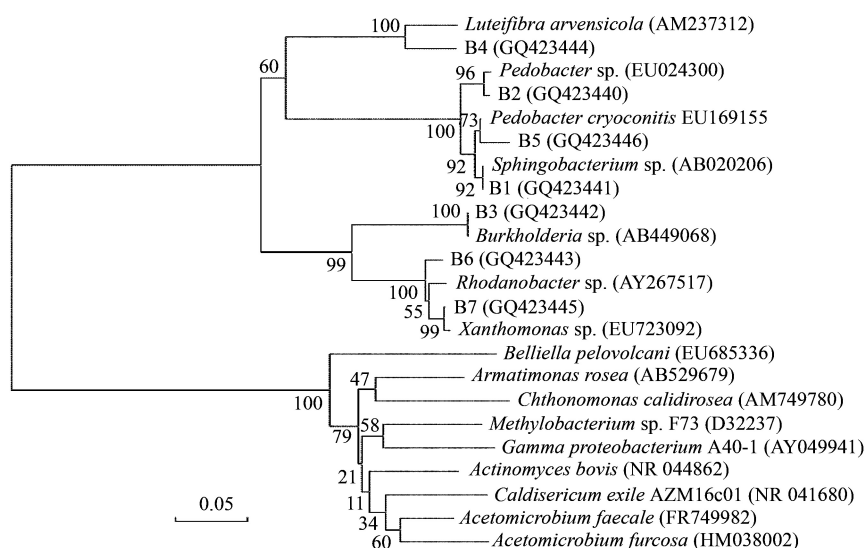


图5 土壤细菌 DGGE 指纹图谱 16S rDNA 系统发育树

Fig. 5 Phylogenetic tree of all sequences of 16S rDNA from B-DGGE bands

2.3 土壤真菌群落 DGGE 分析

采用真菌通用引物 GC+U1-U2^[17] 对 28S rRNA 基因部分片段进行 PCR 扩增,得到 260 bp 片段。此处图省略。

图 6 显示不同杉木人工林土壤真菌特异性 PCR-DGGE 图谱,随着杉木人工林取代自然林并不断连栽,土壤真菌群落结构的变化较明显,尤其是 NF 与 TCF 土壤真菌 DGGE 图谱特征条带的变化;杉木与阔叶树混交后土壤真菌特征条带也发生改变,在 CFM 图谱中出现条带 F1,在 CFA、CFK 图谱中出现了条带 F7,推测这两个条带所代表的真菌类群可能是导致土壤质量变化的主要类群,还需要进一步验证。

图 7 结果显示,杉木人工林取代自然林后土壤真菌多样性和丰富度有所提高,但 FCF、SCF 与 NF 之间土壤真菌多样性指数变化差异没有达到显著性 ($P > 0.05$),只有 TCF 与 NF 之间达到显著性差异 ($P < 0.05$)。随着杉木不断连栽土壤真菌多样性和丰富度呈现提高的趋势,杉木二代林与杉木一、三代林之间差异不显著 ($P > 0.05$),杉木一代林与杉木三代林之间差异显著 ($P < 0.05$),说明随着杉木不断的连栽土壤真菌群落多样性和丰度提高的幅度也不断增加。杉木与 3 种阔叶树混交后土壤真菌多样性和丰富度较杉木纯林显著降低 ($P < 0.05$),而 3 种混交林之间土壤真菌多样性和丰度变化不大 ($P > 0.05$)。可见,湖南会同地区杉木林土壤真菌多样性和丰度的变化趋势与土壤细菌是完全不同的。

图 8a 显示连栽杉木人工林土壤真菌群落结构的变化趋势, NF 与 FCF、SCF 主要在 PC2 (贡献率为

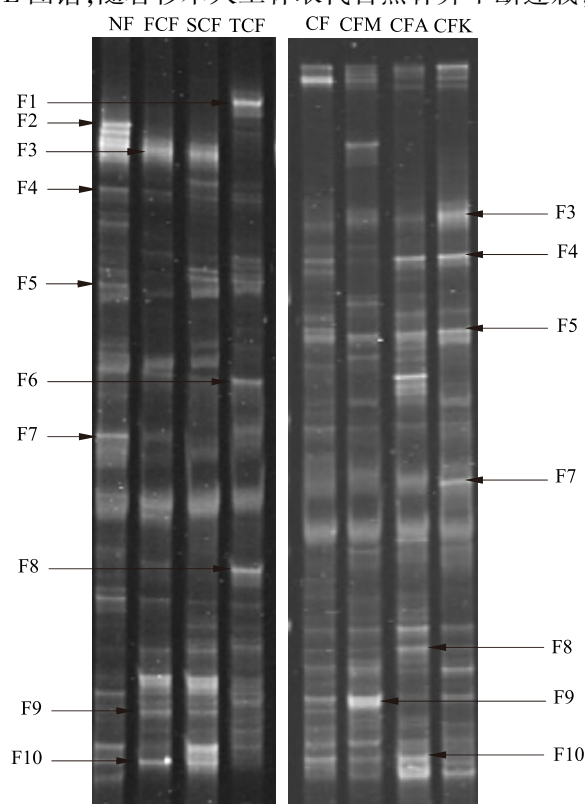


图6 土壤真菌 28S rDNA 特异片段 PCR-DGGE 指纹图谱

Fig. 6 DGGE community fingerprints of 28S rDNA fragment from soil fungi DNA extracted from soil samples under different plantations

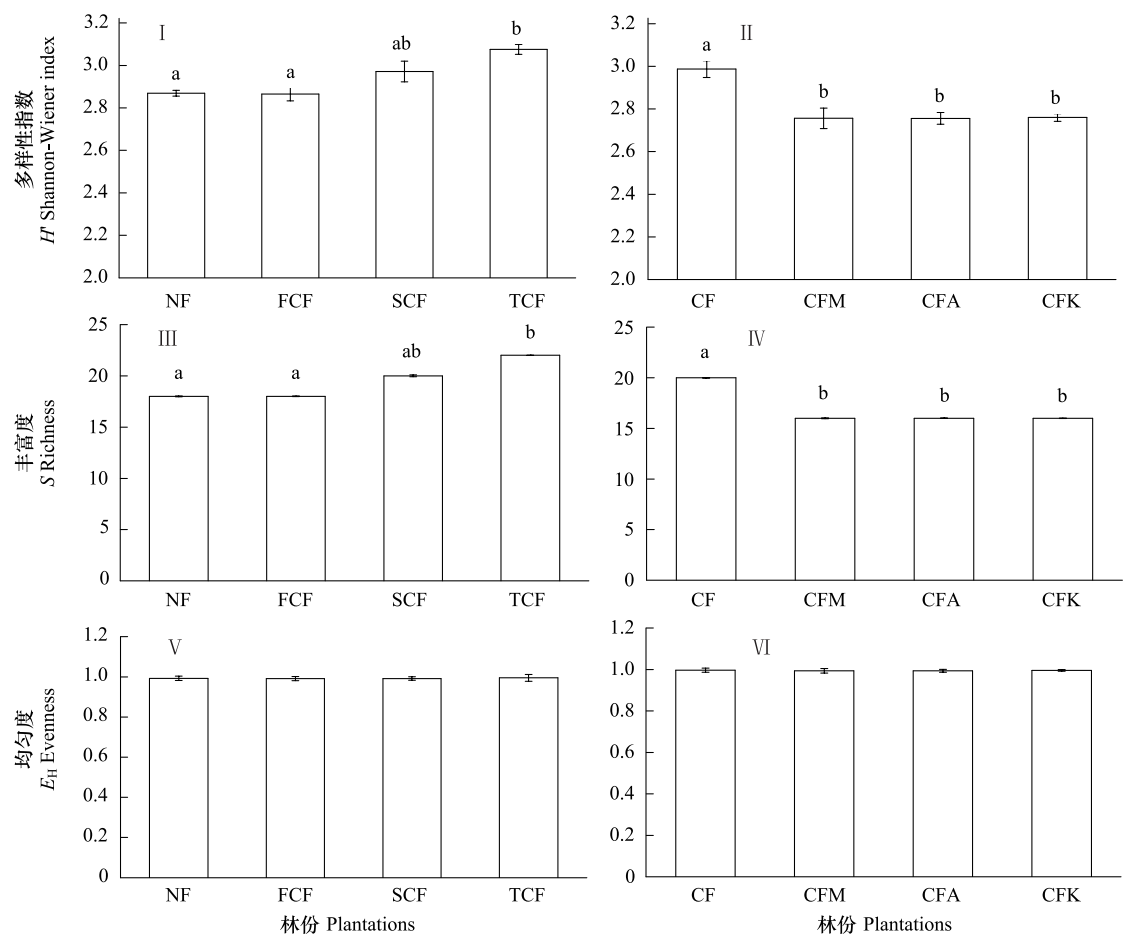


图 7 不同杉木人工林土壤真菌群落基因多样性指数

Fig. 7 Genetic diversity indices of microbial communities in different plantations

22.18%) 显著分离,在 PC1 (贡献率为 61.53%) 分离度很小;NF 与 TCF 在 PC1 和 PC2 上均明显分离;FCF 和 SCF 在 PC1 和 PC2 上的分离度都很小,而且都与 TCF 在 PC1 上明显分离。由于 PC1 的贡献率远大于 PC2,从不同杉木人工林土壤真菌 DGGE 图谱主成分分析可以看出,NF 与 FCF、SCF 土壤真菌群落结构变化差异较小,而其与 TCF 之间的变化差异较大,说明随着杉木人工林的不断连栽土壤真菌群落结构变化也加大,这一点与土壤细菌群落结构的变化趋势相似。

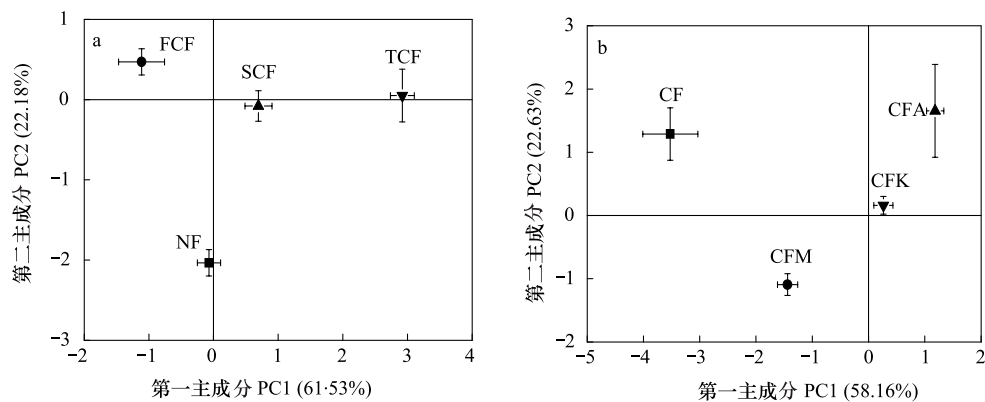


图 8 不同杉木人工林土壤真菌 DGGE 指纹图谱主成分分析

Fig. 8 Principal component (PC1 × PC2) plots generated from covariance matrix of F-DGGE bands obtained from soil samples under different plantations

图 8b 显示杉木纯林和杉木混交林土壤真菌群落的变化,CF 分别与 CFM、CFA、杉木 CFK 主要在 PC1(贡献率为 58.16%)上分离,说明杉木纯林与 3 种杉阔混交林土壤真菌群落结构组成相差很大;3 种杉阔混交林主要在 PC2(贡献率为 22.63%)上分离,在 PC1 上分离很小,表明 3 种杉阔混交林土壤真菌群落结构组成相似。

将土壤真菌 DGGE 图谱中主要特征条带中的 10 条切下(F1—F10),条带强度均大于 100,经验证后测序,将所得序列登录 GenBank,获得登录号为 GQ423447—GQ423456。经系统发育分析,结果显示湖南会同地区杉木人工林土壤中真菌的优势种群主要是子囊菌和担子菌亚门的种属(图 9)。

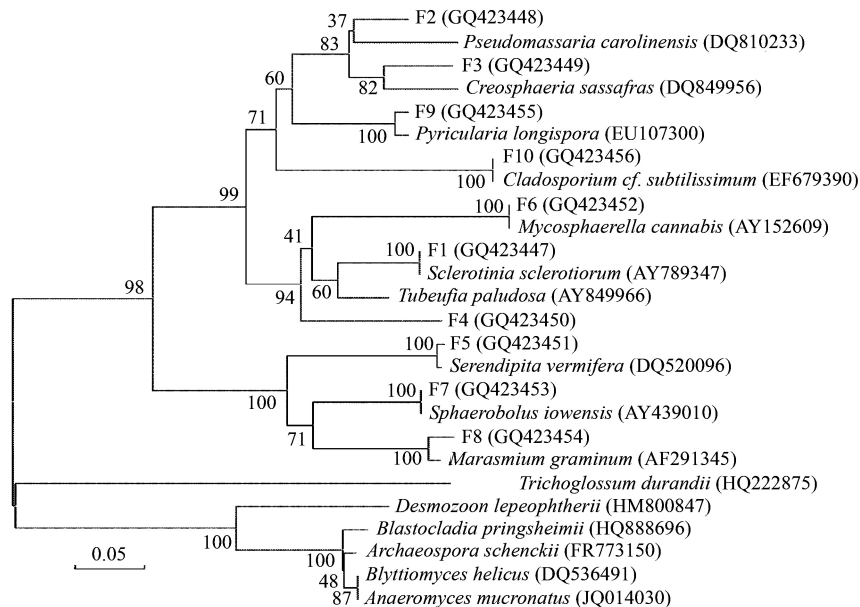


图 9 土壤真菌 DGGE 指纹图谱 28S rDNA 系统发育树

Fig. 9 Phylogenetic tree of all sequences of 28S rDNA from F-DGGE bands

从不同杉木人工林土壤真菌 DGGE 图谱中可以看出,当杉木人工林取代自然林后,土壤真菌群落结构受到影响:FCF、SCF 与 NF 之间土壤真菌群落结构变化不大,一部分种群有减少的趋势,如亲缘关系与 *Creosphaeria sassafras*、*Tubeufia paludosa*、*Serendipita vermifera* 密切的真菌种群,一部分种群有增加的趋势,如亲缘关系与 *Pyricularia longispora* 和 *Cladosporium cf. subtilissimum* 密切的微生物种群,但也有一些种群消失,如亲缘关系与 *Pseudomassaria carolinensis* 和 *Sphaerobolus iowensis* 密切的微生物种群;土壤真菌群落结构在 TCF 与 NF 之间变化较大,亲缘关系与 *Pseudomassaria carolinensis*、*Creosphaeria sassafras*、*Sphaerobolus iowensis*、*Pyricularia longispora* 和 *Cladosporium cf. subtilissimum* 密切的真菌种群消失,而亲缘关系与 *Sclerotinia sp.*、*Mycosphaerella sp.* 和 *Marasmius graminum* 密切的真菌种群出现(图 6a,图 9),可见连续单一种植杉木人工林会引起土壤真菌群落剧烈改变。

杉木与阔叶树混交后,土壤真菌群落结构也发生改变:主要表现为某些种群的恢复,如与 *Creosphaeria sassafras* 和 *Sphaerobolus iowensis* 亲缘关系密切的真菌种群出现,与 *Mycosphaerella sp.* 和 *Marasmius graminum* 亲缘关系密切的真菌种群消失;大部分共有条带亮度接近于自然林图谱,说明真菌群落结构组成在杉阔混交林土壤中有逐渐接近自然林的趋势(图 6b,图 9)。

2.4 杉木人工林土壤微生物群落结构变化与土壤质量的关系

表 4 结果显示,土壤细菌多样性指数变化与大部分土壤化学性质显著相关,其中与全氮、可溶性碳、铵态氮、速效钾和有效磷呈极显著正相关($P < 0.01$),与土壤 pH 值和总有机碳呈显著正相关($P < 0.05$),与土壤质量主成分值极显著正相关($P < 0.01$)。土壤细菌主成分分析 PC1 也与土壤质量和大部分土壤化学性质显著正相关。

表4 杉木人工林土壤细菌群落结构变化与土壤化学性质的相关性分析

Table 4 Pearson's correlation analyses between the bacterial community and soil properties from all sites

	H_B	S_B	B-PC1	B-PC2		H_B	S_B	B-PC1	B-PC2
pH (H ₂ O)	0.502 *	0.417 *	0.426 *	0.076	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N	0.310	0.328	0.367	0.312
总有机碳 TOC	0.417 *	0.428 *	0.431 *	0.271	速效钾 Available K	0.767 **	0.800 **	0.677 **	0.469 *
全氮 TN	0.659 **	0.661 **	0.548 **	0.420 *	速效磷 Available P	0.797 **	0.858 **	0.879 **	0.304
碳氮比 C/N ratio	-0.15	-0.14	0.078	-0.17	Soil-PC1	0.683 **	0.718 **	0.717 **	0.353
可溶性碳 Extractable C	0.680 *	0.742 **	0.660 **	0.371	Soil-PC2	0.569 **	0.548 **	0.421 *	0.219
铵态氮 NH ₄ ⁺ -N	0.549 **	0.573 **	0.697 **	0.066	Soil-PC	0.811 **	0.839 **	0.803 **	0.398

H_B :细菌群落多样性, S_B :细菌群落丰富度,B-PC1:细菌 DGGE 图谱 PCA 分析的第一主成分值,B-PC2:细菌 DGGE 图谱 PCA 分析的第二主成分值,Soil-PC1:土壤质量 PCA 分析的第一主成分值,Soil-PC2:土壤质量 PCA 分析的第二主成分值,Soil-PC:土壤质量 PCA 分析的综合主成分值

表5 结果显示,土壤真菌多样性指数变化与大部分土壤化学性质均无显著相关性($P > 0.05$),仅仅与土壤碳氮比呈显著正相关,与土壤 pH 呈显著负相关($P < 0.05$),这一点与细菌结果明显不同。表示自然林和杉阔混交林的 DGGE 特征条带以及几种土壤中共有条带的 PC1 也与大部分土壤性质无显著相关性($P > 0.05$);然而,表示杉木三代林的 DGGE 特征条带的 PC2 与多数土壤性质显著负相关($P < 0.05$),包括总有机碳、总有机氮、可溶性碳、铵态氮、速效磷以及土壤质量主成分值(PC1 和 PC),可见 PC2 表示的条带所代表的真菌种群可能是导致土壤质量变化的关键种群。

表5 杉木人工林土壤真菌群落结构变化与土壤化学性质的相关性分析

Table 5 Pearson's correlation analyses between the fungal community and soil properties from all sites

	H_F	S_F	F-PC1	F-PC2		H_F	S_F	F-PC1	F-PC2
pH (H ₂ O)	-0.505 *	-0.669 **	-0.401 *	0.071	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N	0.209	0.214	0.266	-0.387
总有机碳 TOC	0.121	0.205	0.011	-0.639 **	速效钾 Available K	-0.199	-0.276	-0.412 *	-0.195
总有机氮 TON	-0.021	-0.043	-0.216	-0.576 **	速效磷 Available P	-0.422 *	-0.540 **	-0.199	-0.541 **
碳氮比 C/N ratio	0.537 **	0.550 **	0.347	-0.322	Soil-PC1	-0.030	-0.054	-0.108	-0.657 **
可溶性碳 Extractable C	-0.262	-0.278	-0.155	-0.591 **	Soil -PC2	-0.627 **	-0.755 **	-0.509 *	0.081
铵态氮 NH ₄ ⁺ -N	0.090	0.071	-0.142	-0.790 **	Soil -PC	-0.197	-0.255	-0.241	-0.611 **

H_F :真菌群落多样性, S_F :真菌群落丰富度,F-PC1:真菌 DGGE 图谱 PCA 分析的第一主成分值,F-PC2:真菌 DGGE 图谱 PCA 分析的第二主成分值

3 讨论

3.1 杉木人工林土壤质量变化过程中土壤细菌群落变化特征

基于细菌 16S rDNA 保守特点,DGGE 指纹图谱技术目前已经广泛的用于监测细菌生长和分析细菌群落,本文运用该技术结合 PCA 分析,区别不同杉木林土壤细菌群落结构的变化,并采用多样性指数(H , S 和 E_H)评价不同土壤微生物群落多样性,高的多样性指数数值表明高的微生物群落多样性^[19]。本研究表明,连栽杉木人工林土壤细菌群落多样性和丰度显著低于自然林和杉阔混交林(除杉木刺楸混交林外),并且随着连栽代数的增加不断降低。这与以前采用平板分离计数法的分析结果相一致。张其水等报道,杉木一代林土壤细菌数量高于二代、三代林,而且各类型细菌组成都随着杉木连栽代数的增加而发生明显变化^[20]。陈楚莹等报道,杉木纯林土壤细菌数量仅为杉木火力楠混交林的 60% 左右,并认为土壤微生物数量与林分中阔叶树比例呈正相关^[5]。

土壤微生物群落结构和多样性会受多种因素的影响,一些为外因,如植被类型、气候条件、土壤类型和人类活动等,另外一些为内因,主要为与土壤微生物生长密切相关的土壤有机质组成和土壤养分等。森林土壤有机质主要来源于植被凋落枝叶、地下凋落物、根系分泌物和土壤生物残体等的分解与周转。土地利用方式和管理措施能够影响土壤有机质的数量和质量,杉木人工林取代天然次生阔叶林后,导致土壤生态系统中凋

落物数量减少,种类单一化,进而使土壤有机质的含量明显减少,质量明显下降^[21]。本文研究结果表明杉木纯林土壤有机质含量显著低于自然林和杉阔混交林,通过相关性分析发现,土壤有机质的变化与土壤中细菌群落结构及多样性改变具有显著正相关。这一结果表明,森林土壤有机物质的质和量影响生态系统分解者的生长代谢,进而影响土壤中有机质的归还和养分周转。

本研究发现,土壤细菌多样性指数和土壤中总有机氮和速效氮含量显著正相关,这可能与土壤中参与氮素周转的微生物功能群有关。土壤中氮素含量是生物生长的限制因子,许多研究表明,土壤中氮素含量变化会引起土壤微生物生物量、活性和群落组成的变化^[22]。Singh 报道土壤微生物直接调节土壤氮素的供给,土壤中氨化细菌和硝化细菌的数量及其氨化作用和硝化作用的强弱直接与土壤活性氮素含量相关^[23]。因此,在本文基础上还应该对土壤中参与氮循环的微生物功能群进行研究,探究其与土壤养分变化之间的相互作用。

土壤细菌群落组成变化是影响土壤质量和植物生长的重要因素。本研究结果显示,*Burkholderia* sp.、*Sphingobacterium* sp.、*Xanthomonas* sp. 和 *Pedobacter* sp. 亲缘关系密切的细菌种群在不同杉木人工林土壤中有明显的变化。伯克霍尔德氏菌(*Burkholderia* sp.)的某些菌株能够产生抗真菌的物质,用于防治多种病原真菌引起的农作物以及森林苗木的根腐、茎腐、猝倒和纹枯等病害^[24-25]。此外,有报道表明伯克霍尔德氏菌属的某些菌株具有解磷作用,可提高土壤有效磷含量^[26]。土地杆菌属(*Pedobacter* sp.)的某些菌株能够产生植酸酶,可分解植物种子中的植酸磷,释放出肌醇和无机磷,使土壤中有效磷素增加^[27]。本研究发现,DGGE 主成分分析 PC1 与土壤有效磷呈显著正相关,可能是由于 PC1 代表的土地杆菌属和伯克霍尔德氏菌等解磷细菌数量和组成的改变引起土壤磷素的变化,进而影响其它种属土壤微生物(如参与凋落物分解和氮素循环的微生物)和杉木的生长。另一方面,在南方酸性红壤地区土壤全磷含量比较低,这也在一定程度上限制了土壤解磷细菌的生长,导致土壤有效磷含量降低,使土壤微生物(如参与凋落物分解和氮素循环的微生物)和植物生长受到限制。黄单胞菌属(*Xanthomonas* sp.)是一类植物致病菌,能够引起植物叶片枯萎,甚至造成系统性侵染,致使植株死亡,尤其在雨季传播力很强^[28]。本文研究结果发现,在自然林及杉木一、二代林土壤中与黄单胞菌属亲缘关系密切的条带所代表的种群没有出现,在杉阔混交林土壤中该菌属细菌不占有优势地位,而在杉木三代林及杉木纯林土壤中黄单胞菌属成为优势种群之一,湖南会同地区属于亚热带湿润气候,雨季较长,这种特殊的气候条件能够加速黄单胞菌属的生长和传播,因此推测连栽杉木人工林出现的枝条枯萎、生长缓慢和生产力下降可能与土壤中植物病害菌占优势地位有关,对于是何种原因诱导了连栽杉木林土壤中黄单胞菌属大量繁殖,还有待进一步研究。

3.2 杉木人工林土壤质量变化过程中土壤真菌群落变化特征

本文根据真菌 28S rDNA 目的片段的 DGGE 指纹图谱,运用 PCA 分析不同杉木林土壤真菌群落结构的变化,结果发现其变化趋势与细菌相反,自然林和杉阔混交林土壤真菌多样性指数低于连栽杉木人工林。李延茂等采用可培养技术发现在杉木林随着连栽代数的增加土壤细菌数量下降而土壤真菌数量显著增加^[11],然而并没有对这一现象进行解释。本文通过相关性分析发现,土壤 pH 值分别与土壤细菌、真菌群落结构及多样性指数变化呈显著正相关和负相关。土壤 pH 值一直被认为是影响土壤微生物群落结构的重要因素,土壤细菌和真菌分别在偏碱性和偏酸性土壤中占据优势地位^[29]。土壤 pH 值能够通过影响土壤基质的组成、化学性质和利用效率而使土壤微生物群落组成和多样性受到干扰。本文研究显示,自然林和杉阔混交林土壤 pH 值高于连栽杉木人工林,不断连续栽种杉木纯林会导致土壤酸化。与阔叶树相比,针叶树凋落物富含较多的蜡质、树脂和木质素等分解产酸性物质,单一针叶树种的大面积种植可由于其凋落物质和量引起土壤酸化,这在我国南方普遍存在。然而当阔叶树种引入杉木人工林种植管理中,可以扭转该现象的发生。可见,造林管理措施能够通过影响凋落物的组成而引起土壤 pH 变化,进而改变土壤微生物群落结构组成。

土壤碳氮比是影响土壤微生物群落结构变化的又一重要因子。本研究结果表明土壤真菌群落结构及多样性指数变化与土壤 C/N 呈显著正相关。采用相同的方法,Yao 等研究表明土壤真菌多样性随着土壤 C/N

增加而变化,并认为高 C/N 的土壤基质可能富含木质素和多酚类物质,这些物质能够诱导某些真菌生长^[30]。此外,采用 PFLA 方法, Hackl 等评价 12 种森林土壤中真菌多样性和丰度的变化,结果发现针叶树种森林土壤有机质具有高的碳氮比,同样也具有更为丰富的真菌类群,他们推测某些真菌类群适应针叶树森林土壤的高 C/N,通过其菌丝转化更多的土壤有机碳^[31]。

本研究发现杉木一、二代林与自然林土壤真菌群落结构组成变化不大,但是杉木三代林土壤真菌群落结构变化剧烈,出现了一些特征菌属,其中包括核盘菌属、球壳菌属和小皮伞菌属等,这些菌属的出现可能与该林分土壤质量和生产力下降有关。核盘菌(*Sclerotinia sclerotiorum*)是一种植物病原菌,由其引起的菌核病是世界性分布的重要病害。自从 20 世纪 70 年代,国外就开始报道了该菌属是花旗松(Douglas fir)、冷杉和银杉(*Abies amabilis*)等经济林木重要致病真菌^[32]。球壳菌属(*Mycosphaerella* sp.)也包含了许多危害严重的植物病原菌,如美洲的松针红斑病菌(*Mycosphaerella pini*)能够引起针叶树病害^[33],*Mycosphaerella aleuritidis* 是我国云南油桐黑斑病的致病菌^[34]。据报道小皮伞菌属(*Marasmius* sp.)主要生长在腐烂的枯枝落叶上,是一类凋落物分解菌属,曾经发现其为我国小兴安岭枫桦红松林凋落物分解菌之一^[35]。本文研究发现,小皮伞菌属是杉木三代林土壤真菌的优势种群,这可能与杉木纯林凋落物极难分解,诱导一些木腐真菌的生长有关,但对这一推测还需进一步研究证实。通过统计学分析,本文发现亲缘关系与这些菌属相关的条带在真菌 DGGE 主成分分析 PC2 的载荷较大,PC2 与土壤质量显著负相关,推测杉木人工林土壤质量衰退,生产力下降可能与植物致病真菌占优势地位有关。

土壤真菌 DGGE 主成分分析 PC1 代表自然林和杉阔混交林主要种群信息,其种群数量和组成在杉木人工林取代自然林以及杉木和阔叶树混交这些造林活动过程中均发生了改变,*Sphaerobolus* sp. 是与土壤有机质的分解有关^[36],*Creosphaeria* sp. 某些菌株能够产生抗菌物质^[37],而有些种属 *Tubeufia* sp. 和 *Serendipita* sp. 尚未有具体生态功能的报道。它们的变化与本文所研究的多数土壤养分变化并不直接相关,但是这些类群优势地位的丧失和恢复对于维持土壤真菌群落的稳定具有重要的意义,杉木三代林土壤中这些种属真菌受到扰动剧烈,一些种群消失,取而代之的植物致病菌占据优势地位,土壤原有真菌群落结构平衡被破坏,同时土壤细菌群落结构也被破坏,严重影响土壤物质周转和养分循环,表 4 中真菌 DGGE 主成分分析 PC2 与土壤总有机碳氮、可溶性碳、铵态氮和有效磷变化显著负相关,证实了上述论述。

目前,对于上述微生物种属在杉木人工林土壤中尚未见报道,本文通过不依赖于培养的分子生物学技术,发现湖南会同地区供试杉木人工林土壤细菌和真菌优势种群,尤其是与土壤养分循环和植物病害有关的微生物种群发生变化,并详细分析了土壤细菌种群变化与土壤化学性质变化的关系。后续研究将对重要的土壤微生物功能群进一步探讨,如参与氮素循环的微生物功能群变化及其与土壤氮素周转之间的关系;参与凋落物分解的微生物功能种群组成的变化及其与有机质归还之间的关系;拮抗致害真菌的微生物功能群的变化及其与土壤自净功能之间的关系等诸多问题。对这些科学问题的解答能够进一步解释杉木人工林经营引起土壤质量变化的微生物机理,并为制定合理造林管理措施提供理论依据。

致谢:感谢中国科学院会同森林生态实验站陈楚莹、冯宗炜、廖利平和汪思龙营造的杉木实验林,本实验是在他们研究样地的基础上进行的。

References:

- [1] Fang Q. Effects of continued plating of Chinese fir on the fertility of soil and the growth of stands. *Scientia Silvae Sinicae*, 1987, 23(4): 389-397.
- [2] Yu X T. A summary of the studies on the plantation productivity and nutrient cycling in Chinese fir plantation ecosystem. *Journal of Fujian College of Forestry*, 1992, 12(3): 264-276.
- [3] Yang C D, Zhang X Q, Jiao R Z, Wei Y R. Variations of chemical properties, biochemical, microorganism activities and function in soil of successive rotation of Chinese fir and their influences on growing. *Scientia Silvae Sinicae*, 1996, 32(2): 175-181.
- [4] Chen C Y, Liao L P, Wang S L. *Chinese fir plantation Ecology*. Beijing: Science press, 2000.
- [5] Lejon D P H, Chaussod R, Ranger J, Ranjard L. Microbial community structure and density under different tree species in an acid forest soil

- (Morvan, France). *Microbial Ecology*, 2005, 50(4): 614-625.
- [6] Zak D R, Holmes W E, White D C, Peacock A D, Tilman D. Plant diversity, soil microbial communities, and ecosystem function: are there any links? *Ecology*, 2003, 84(8): 2042-2050.
- [7] Priha O, Grayston S J, Hiukka R, Pennanen T, Smolander A. Microbial community structure and characteristics of the organic matter in soils under *Pinus sylvestris*, *Picea abies* and *Betula pendula* at two forest sites. *Biology and Fertility of Soils*, 2001, 33(1): 17-24.
- [8] Kirk J L, Beaudette L A, Hart M, Moutoglis P, Klironomos J N, Lee H, Trevors J T. Methods of studying soil microbial diversity. *Journal of Microbiological Methods*, 2004, 58(2): 169-188.
- [9] Leckie S E, Prescott C E, Grayston S J, Neufeld J D, Mohn W W. Characterization of humus microbial communities in adjacent forest types that differ in nitrogen availability. *Microbial Ecology*, 2004, 48(1): 29-40.
- [10] Chen C Y, Zhang J W, Zhou C L, Zheng H Y. Researches on improving the quality of forest land and the productivity of artificial *Cunninghamia lanceolata* stands. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 1990, 1(2): 97-106.
- [11] Li Y M, Hu J C, Zhang J, Wang S L, Wang S J. Microbial diversity in continuously planted Chinese fir soil. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2005, 16(7): 1275-1278.
- [12] Liang B C, Mackenzie A F, Schnitzer M, Monreal C M, Voroney P R, Beyaert R P. Management-induced change in labile soil organic matter under continuous corn in eastern Canadian soils. *Biology and Fertility of Soils*, 1997, 26(2): 88-94.
- [13] Liu G S. Standard method of observation and analysis of the Chinese ecosystem research network-analysis of the soil physicochemical characteristics and delineation of the soil profiles. Bei Jing: Standard press. 1996.
- [14] Zhou J Z. Microarrays for bacterial detection and microbial community analysis. *Current Opinion in Microbiology*, 2003, 6(3): 288-294.
- [15] Wu M N, Zhang H W, Li X Y, Su Z C, Zhang C G. An extraction method of fungal DNA from soils in North China. *Chinese Journal of Ecology*, 2007, 26(4): 611-616.
- [16] Muyzer G, Brinkhoff T, Nübel U, Santegoeds C, Schäfer H, Wawer C. Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) in microbial ecology // Akkermans A D L, van Elsas J D, de Bruijn F J, eds. *Molecular Microbial Ecology Manual*. Boston: Kluwer Academic Publishing, 2004: 743-769.
- [17] Sandhu G S, Kline B C, Stockman L, Roberts G D. Molecular probes for diagnosis of fungal infections. *Journal of Clinical Microbiology*, 1995, 33(11): 2913-2919.
- [18] Liu L, Duan Z H, Wang S L, Hu J C, Hu Z G, Zhang Q R, Wang S J. Effects of *Cunninghamia lanceolata* plantations at different developmental stages on soil microbial community structure. *Chinese Journal of Ecology*, 2009, 28(12): 2417-2423.
- [19] Xue D, Yao H Y, Huang C Y. Genetic diversity of microbial communities in tea orchard soil. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2007, 18(4): 843-847.
- [20] Zhang Q S, Yu X T. Seasonal dynamics of the soil microorganism in the repeated Chinese fir plantation woodlands. *Journal of Fujian College of Forestry*, 1991, 11(4): 422-427.
- [21] Wu W D, Zhang T L, Sun B, Zhao Q G. Degradation and control of soil organic matter and nutrient pool under artificial Chinese fir forest. *Acta Pedologica Sinica*, 2000, 37(1): 41-49.
- [22] Sarathchandra S U, Ghani A, Yeates G W, Burch G, Cox N R. Effect of nitrogen and phosphate fertilizers on microbial and nematode diversity in pasture soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(7/8): 953-964.
- [23] Singh J S, Kashyap A K. Contrasting pattern of methanotrophs in dry tropical forest soils: effect of soil nitrogen, carbon and moisture. *Microbiological Research*, 2007, 162(3): 276-283.
- [24] Cartwright D K, Benson D M. *Pseudomonas cepacia* strain 5. 5 B and method of controlling *Rhizoctonia solani*; United State Patent, 5288633. 1994-02-22.
- [25] Xie G L, Jin Y X, Xu C Y, Ren X P, Yu X F, Mew W T. Bacterial antagonists of rice sheath blight disease in China. *Chinese Journal of Biological Control*, 2003, 19(4): 166-170.
- [26] Wang Y, Yu X M, He C P, Zheng F C. Screening and identification of one strain of phosphate-solubilizing bacteria from the tropical soil and the study on its antagonism. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2009, 37(18): 8347-8349.
- [27] Gomez A A, Kelly D E S, Syers J K, Coughlan K J. Measuring sustainability of agricultural systems at the farm level // Doran J W, Jones A J, eds. *Methods for Assessing*. Madison: Soil Science Society of America Special Publication, 1996, 49: 401-409.
- [28] Soustrade I, Gagnevin L, Roumagnac P, Gambin O, Guillaumin D, Jeuffrault E. First report of anthurium blight caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *dieffenbachiae* in Reunion Island. *Plant Disease*, 2000, 84(12): 1343-1343.
- [29] Ogilvie L A, Hirsch P R, Johnston A W B. Bacterial diversity of the Broadbalk 'Classical' winter wheat experiment in relation to long-term fertilizer inputs. *Microbial Ecology*, 2008, 56(3): 525-537.

- [30] Yao S R, Merwin I A, Bird G W, Abawi G S, Thies J E. Orchard floor management practices that maintain vegetative or biomass groundcover stimulate soil microbial activity and alter soil microbial community composition. *Plant and Soil*, 2005, 271(1/2): 377-389.
- [31] Hackl E, Pfeffer M, Donat C, Bachmann G, Zechmeister-Boltenstern S. Composition of the microbial communities in the mineral soil under different types of natural forest. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(4): 661-671.
- [32] Berry J A, Dolezal W E, Sayers A C. Remote imaging system for plant diagnosis. US Patent 6014451, 2000-01-11.
- [33] Xu H G, Qiang S, Han Z M, Guo J Y, Huang Z G, Sun H Y, He S P, Ding H, Wu H R, Wan F H. The distribution and introduction pathway of alien invasive species in China. *Chinese Biodiversity*, 2004, 12(6): 626-638.
- [34] Chen P, Liu H P, Wang D M, Bai R L. Dangerousness analysis of *Mycosphaerella aleuritidis*. forest inventory and planning. *Forest Inventory and Planning*, 2006, 31(2): 116-118.
- [35] Pan X R, Huang Y Q, Liu C Z. Study on decomposition mycoflora in costata birch-Korean pine forest litters. *Journal of Northeast Forestry University*, 1991, 19(1): 75-82.
- [36] Yu S L. A study of function that rot fungi have in the decomposition of organic matter. *Journal of Hebei Normal University: Natural Science*, 2003, 27(5): 519-522.
- [37] Quang D N, Hashimoto T, Fournier J, Stadler M, Radulovi N, Asakawa Y, Sassafrins A D, new antimicrobial azaphilones from the fungus *Creosphaeria sassafras*. *Tetrahedron*, 2005, 61(7): 1743-1748.

参考文献:

- [1] 方奇. 杉木连栽对土壤肥力及其林木生长的影响. *林业科学*, 1987, 23(4): 389-397.
- [2] 俞新妥. 杉木人工林地力和养分循环研究进展. *福建林学院学报*, 1992, 12(3): 264-276.
- [3] 杨承栋, 张小泉, 焦如珍, 魏以荣, 冯福娟. 杉木连栽土壤组成、结构、性质变化及其对林木生长的影响. *林业科学*, 1996, 32(2): 175-181.
- [4] 陈楚莹, 廖利平, 汪思龙. 杉木人工林生态学. 北京: 科学出版社, 2000.
- [10] 陈楚莹, 张家武, 周崇莲, 郑洪元. 改善杉木人工林的林地质量和提高生产力的研究. *应用生态学报*, 1990, 1(2): 97-106.
- [11] 李延茂, 胡江春, 张晶, 汪思龙, 王书锦. 杉木连栽土壤微生物多样性的比较研究. *应用生态学报*, 2005, 16(7): 1275-1278.
- [13] 刘光崧. 中国生态系统研究网络观测与分析标准方法-土壤理化分析与剖面描述. 北京: 标准出版社, 1996.
- [15] 吴敏娜, 张惠文, 李新宇, 苏振成, 张成刚. 提取北方土壤真菌 DNA 的一种方法. *生态学杂志*, 2007, 26(4): 611-616.
- [18] 刘丽, 段争虎, 汪思龙, 胡江春, 胡治刚, 张倩茹, 王书锦. 不同发育阶段杉木人工林对土壤微生物群落结构的影响. *生态学杂志*, 2009, 28(12): 2417-2423.
- [19] 薛冬, 姚槐应, 黄昌勇. 茶园土壤微生物群落基因多样性. *应用生态学报*, 2007, 18(4): 843-847.
- [20] 张其水, 俞新妥. 杉木连栽林地土壤微生物的季节动态研究. *福建林学院学报*, 1991, 11(4): 422-427.
- [21] 吴蔚东, 张桃林, 孙波, 赵其国. 人工杉木林地有机物和养分库的退化与调控. *土壤学报*, 2000, 37(1): 41-49.
- [25] 谢关林, 金扬秀, 徐传雨, 任小平, 余雪芳, Mew W T. 我国水稻纹枯病拮抗细菌种类研究. *中国生物防治*, 2003, 19(4): 166-170.
- [26] 王义, 余贤美, 贺春萍, 郑服丛. 一株热带土壤解磷细菌的筛选鉴定及拮抗初探. *安徽农业科学*, 2009, 37(18): 8347-8349.
- [33] 徐海根, 强胜, 韩正敏, 郭建英, 黄宗国, 孙红英, 何舜平, 丁晖, 吴海荣, 万方浩. 中国外来入侵物种的分布与传入路径分析. *生物多样性*, 2004, 12(6): 626-638.
- [34] 陈鹏, 刘宏屏, 王达明, 白如礼. 云南油桐黑斑病危险性分析. *林业调查规划*, 2006, 31(2): 116-118.
- [35] 潘学仁, 黄永青, 刘传照. 枫桦红松林凋落物分解真菌生态群的研究. *东北林业大学学报*, 1991, 19(1): 75-82.
- [36] 于淑玲. 腐生真菌在有机质分解过程中的作用研究进展. *河北师范大学学报: 自然科学版*, 2003, 27(5): 519-522.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 33, No. 15 Aug. ,2013(Semimonthly)

CONTENTS

Frontiers and Comprehensive Review

- A review on the application of remote sensing in mangrove ecosystem monitoring SUN Yongguang, ZHAO Dongzhi, GUO Wenyong, et al (4523)
- Urban metabolism process based on emergy synthesis: Theory and method LIU Gengyuan, YANG Zhifeng, CHEN Bin (4539)
- Theoretical considerations on ecological civilization development and assessment ZHAO Jingzhu (4552)

Autecology & Fundamentals

- Assemblage composition and distribution of meiobenthos in the Yangtze Estuary and its adjacent waters in autumn-winter season Yu Tingting, XU Kuidong (4556)
- Ecological distribution and nutrient limitation of phytoplankton in adjacent sea of Guanhe Estuary in spring FANG Tao, HE Xinran, FENG Zhihua, et al (4567)
- The distribution of urea concentrations and urease activities in the coastal waters of Hainan Island during the spring HUANG Kaixuan, ZHANG Yun, OU Linjian, et al (4575)
- Effects of simulated acid rain on growth and bleeding sap amount of root in *Quercus mongolica* LIANG Xiaoqin, LIU Jian, DING Wenjuan, et al (4583)
- Allelopathic effects of organic acid allelochemicals on melon ZHANG Zhizhong, SUN Zhihao, CHEN Wenhui, et al (4591)
- Fraction changes of oxidation organic carbon in paddy soil and its correlation with CH₄ emission fluxes WU Jiamei, JI Xionghui, HUO Lianjie, et al (4599)
- Changes of soil nitrogen types and nitrate accumulation in vegetables with single or multiple application of dicyandiamide WANG Huangping, ZHANG Qing, WENG Boqi, et al (4608)
- Comparison of isolation rate of mycobacteriophage in the different type soils XU Fengyu, SU Shengbing, MA Hongxia, et al (4616)
- Effects of different acidity acid rain on yield, protein and starch content and components in two wheat cultivars BIAN Yajiao, HUANG Jie, SUN Qisong, et al (4623)
- The causes of *Gentiana straminea* Maxim. seeds dormancy and the methods for its breaking LI Bingbing, WEI Xiaohong, XU Yan (4631)
- Physiological responses of four golden-leaf trees to SO₂ stress CHONG Peifang, SU Shiping (4639)
- Influence of endosulfan and its metabolites on enzyme activities in purple soil XIONG Bailian, ZHANG Jinzhong, DAI Juan, et al (4649)

Population, Community and Ecosystem

- Seasonal dynamics of food web energy pathways at the community-level XU Jun, ZHOU Qiong, WEN Zhourui, et al (4658)
- Population dynamics of *Niviventer confucianus* in Thousand Island Lake ZHANG Xu, BAO Yixin, LIU Jun, et al (4665)
- Soil ecological stoichiometry under different vegetation area on loess hilly-gully region ZHU Qiulian, XING Xiaoyi, ZHANG Hong, et al (4674)
- Adaptation strategies of reproduction of plant community in response to grassland degradation and artificial restoration LI Yuanyuan, DONG Shikui, ZHU Lei, et al (4683)
- Effect of different *Cunninghamia lanceolata* plantation soil qualities on soil microbial community structure LIU Li, XU Mingkai, WANG Silong, et al (4692)
- Effects of different maize hybrids (inbreds) on the growth, development and population dynamics of *Rhopalosiphum maidis* Fitch ZHAO Man, GUO Xianru, LI Weizheng, et al (4707)
- Effects of forest canopy structure on understory vegetation characteristics of Funiu Mountain Nature Reserve LU Xunling, DING Shengyan, YOU Li, et al (4715)

- Influence of restoring cropland to grassland on dung beetle assemblages in Wuchuan County, Inner Mongolia, China LIU Wei, MEN Lina, LIU Xinmin (4724)
- Cu and nutrient deficiency on different effects of growth, tolerance and mineral elements accumulation between two *Elsholtzia haichouensis* populations KE Wenshan, CHEN Shijian, XIONG Zhiting, et al (4737)
- Measurement and retrieval of leaf area index using remote sensing data in Kanas National Nature Reserve, Xinjiang ZAN Mei, LI Dengqiu, JU Weimin, et al (4744)
- Landscape, Regional and Global Ecology**
- An spatial ecosystem services approach based on LUCC: a case study of Ganzhou district of Zhangye City LIANG Youjia, XU Zhongmin, ZHONG Fanglei, et al (4758)
- Spatiotemporal characteristics of *Spartina alterniflora* marsh change in the coastal wetlands of Yancheng caused by natural processes and human activities ZHANG Huabing, LIU Hongyu, Hou Minghang (4767)
- Process analysis and evaluation of wetlands degradation based on PCA in the lakeside of Napahai, Northwest Yunnan Plateau SHANG Wen, YANG Yongxing, HAN Dayong (4776)
- On eco-security evaluation in the Tumen River region based on RS&GIS NAN Ying, JI Zhe, FENG Hengdong, et al (4790)
- Evaluation and simulation of historical range of variability of forest landscape pattern in Huzhong area WU Zhifeng, LI Yuehui, BU Rencang, et al (4799)
- Effects of precipitation timing on aboveground net primary productivity in inner mongolia temperate steppe GUO Qun, HU Zhongmin, LI Xuanran, et al (4808)
- Research Notes**
- Litter production and decomposition of different forest ecosystems and their relations to environmental factors in different climatic zones of mid and eastern China WANG Jianjian, WANG Yongji, LAI Liming, et al (4818)

《生态学报》2013 年征订启事

《生态学报》是由中国科学技术协会主管,中国生态学学会、中国科学院生态环境研究中心主办的生态学高级专业学术期刊,创刊于 1981 年,报道生态学领域前沿理论和原始创新性研究成果。坚持“百花齐放,百家争鸣”的方针,依靠和团结广大生态学科工作者,探索生态学奥秘,为生态学基础理论研究搭建交流平台,促进生态学研究深入发展,为我国培养和造就生态学科人才和知识创新服务、为国民经济建设和发展服务。

《生态学报》主要报道生态学及各分支学科的重要基础理论和应用研究的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;新书评价和学术、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

本期责任副主编 赵景柱

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 15 期 (2013 年 8 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 15 (August, 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@csppg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@csppg.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