

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

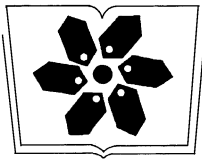
Acta Ecologica Sinica



第 33 卷 第 17 期 Vol.33 No.17 **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 17 期 2013 年 9 月 (半月刊)

目次

前沿理论与学科综述

- 植物角质层蜡质的化学组成研究综述 曾 琼, 刘德春, 刘 勇 (5133)
- 中国滨海盐沼湿地碳收支与碳循环过程研究进展 曹 磊, 宋金明, 李学刚, 等 (5141)

个体与基础生态

- 秸秆隔层对盐碱土水盐运移及食葵光合特性的影响 赵永敢, 逢焕成, 李玉义, 等 (5153)
- 盐地碱蓬二型性种子及其幼苗对盐渍环境的适应性 刘 艳, 周家超, 张晓东, 等 (5162)
- 不同抗旱性花生品种的根系形态发育及其对干旱胁迫的响应 丁 红, 张智猛, 戴良香, 等 (5169)
- 夏季苹果新梢生理指标与抗苹果绵蚜的关系 王西存, 周洪旭, 于 毅, 等 (5177)
- 花期海蓬子对盐胁迫的生理响应 刘伟成, 郑春芳, 陈 琛, 等 (5184)
- 白蜡多年卧孔菌生物学特性及驯化栽培 鲁 铁, 图力古尔 (5194)
- 重度火烧迹地微地形对土壤微生物特性的影响——以坡度和坡向为例
..... 白爱芹, 傅伯杰, 曲来叶, 等 (5201)
- 秸秆还田与施肥对稻田土壤微生物生物量及固氮菌群落结构的影响 刘骁蓓, 涂仕华, 孙锡发, 等 (5210)
- 大穗型小麦叶片性状、养分含量及氮素分配特征 王丽芳, 王德轩, 上官周平 (5219)
- 复合不育剂 EP-1 对小鼠空间记忆与焦虑行为的影响 王晓佳, 秦婷婷, 胡 霞, 等 (5228)

种群、群落和生态系统

- 小兴安岭阔叶红松混交林林隙特征 刘少冲, 王敬华, 段文标, 等 (5234)
- 高寒矮嵩草群落退化演替系列氮、磷生态化学计量学特征 林 丽, 李以康, 张法伟, 等 (5245)
- 中亚热带人工针叶林生态系统碳通量拆分差异分析 黄 昆, 王绍强, 王辉民, 等 (5252)
- 高寒山区一年生混播牧草生态位对密度的响应 赵成章, 张 静, 盛亚萍 (5266)
- 乳山近海大型底栖动物功能摄食类群 彭松耀, 李新正 (5274)

景观、区域和全球生态

- 采伐干扰对大兴安岭落叶松-苔草沼泽植被碳储量的影响 牟长城, 卢慧翠, 包 旭, 等 (5286)
- 西南喀斯特地区轮作旱地土壤 CO₂ 通量 房 彬, 李心清, 程建中, 等 (5299)
- 干湿季节下基于遥感和电磁感应技术的塔里木盆地北缘绿洲土壤盐分的空间变异性
..... 姚 远, 丁建丽, 雷 磊, 等 (5308)
- 东北温带次生林和落叶松人工林土壤 CH₄ 吸收和 N₂O 排放通量 孙海龙, 张彦东, 吴世义 (5320)
- 新疆东部天山蝶类多样性及其垂直分布 张 鑫, 胡红英, 吕昭智 (5329)
- 玉米农田空气动力学参数动态及其与影响因子的关系 蔡 福, 周广胜, 明惠青, 等 (5339)

天山北坡家庭牧场复合系统对极端气候的响应过程..... 李西良,侯向阳,丁 勇,等 (5353)

大城市边缘区景观破碎化空间异质性——以北京市顺义区为例..... 李 灿,张凤荣,朱泰峰,等 (5363)

资源与产业生态

基于 GLBM 模型的中国大陆阿根廷滑柔鱼鱿钓渔业 CPUE 标准化 陆化杰,陈新军,曹 杰 (5375)

三峡库区古夫河水质时空分异特征..... 冉桂花,葛继稳,苗文杰,等 (5385)

城乡与社会生态

汉、藏、回族地区农户的环境影响——以甘肃省张掖市、甘南藏族自治州、临夏回族自治州为例.....

..... 赵雪雁,毛笑文 (5397)

研究简报

中国近海浮游动物群落结构及季节变化..... 杜明敏,刘镇盛,王春生,等 (5407)

海洋污染物对菲律宾蛤仔的免疫毒性..... 丁鉴锋,闫喜武,赵力强,等 (5419)

衰亡期沉水植物对水和沉积物磷迁移的影响..... 王立志,王国祥 (5426)

伊洛河流域外来草本植物分布格局..... 郭屹立,丁圣彦,苏 思,等 (5438)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 316 * zh * P * ¥90.00 * 1510 * 32 * 2013-09



封面图说: 帽儿山次生林林相——帽儿山属于长白山山脉的张广才岭西坡,松花江南岸支流阿什河的上游,最高海拔 805m,由侏罗纪中酸性火山岩构成,是哈尔滨市附近的最高峰,因其貌似冠状而得名。东北林业大学于 1958 年在此建立了实验林场。山上生长着松树、榆树、杨树及各种灌木等,栖息着山鸡、野兔等野生动物,在茂密的草地上还生长有各种蘑菇。其地带性植被为温带针阔混交林,目前状况为天然次生林。部分地方次生林转变为落叶松人工林后,落叶松林地的凋落物层影响了林地土壤水分的格局。

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/stxb201205290788

刘骁蒨, 涂仕华, 孙锡发, 辜运富, 张先琴, 张小平. 秸秆还田与施肥对稻田土壤微生物生物量及固氮菌群落结构的影响. 生态学报, 2013, 33(17): 5210-5218.

Liu X Q, Tu S H, Sun X F, Gu Y F, Zhang X Q, Zhang X P. Effect of different fertilizer combinations and straw return on microbial biomass and nitrogen-fixing bacteria community in a paddy soil. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(17): 5210-5218.

秸秆还田与施肥对稻田土壤微生物生物量及固氮菌群落结构的影响

刘骁蒨¹, 涂仕华², 孙锡发², 辜运富¹, 张先琴¹, 张小平^{1,*}

(1. 四川农业大学资源环境学院微生物系, 成都 611130; 2. 四川省农业科学院土壤肥料研究所, 成都 610066)

摘要: 利用氯仿熏蒸法和变性梯度凝胶电泳法 (PCR-DGGE) 研究了秸秆覆盖还田与施肥对灰棕冲积水稻土 0—10cm 和 10—20cm 土层土壤微生物生物量碳、氮和固氮菌群落结构的影响。结果表明: 土壤微生物量碳、氮和固氮菌多样性从 0—10cm 土层到 10—20cm 土层均呈现降低趋势。无秸秆覆盖处理 (对照组) 的土壤微生物生物量碳 (SMB-C) 和微生物生物量氮 (SMB-N) 量最小。在秸秆覆盖还田处理中, 低氮和无钾处理的 SMB-C 和 SMB-N 都显著低于全量氮磷钾肥处理。虽然无磷处理的 SMB-N 低于全量氮磷钾处理, 但差异不显著。说明秸秆覆盖还田配施充足氮磷钾肥能显著提高土壤微生物生物量碳、氮。由 DGGE 图谱多样性指数分析得知, 配施充足氮磷钾肥的处理土壤的固氮菌多样性最丰富。UPGMA 聚类分析显示, 10 种不同处理的聚类图也不同, 对照 (无秸秆) 处理 0—10cm 和 10—20cm 的微生物不同于其它处理单独聚在了一个群里。DGGE 条带测序得知, 14 个条带的近缘种大部分为非培养细菌 *nifH* 基因片段, 主要优势菌群其归属于变形菌门 (Proteobacteria) 的 β -变形菌纲 (Betaproteobacteria)。应用 PCR-DGGE 技术可以解释灰棕冲积水稻土秸秆覆盖不同肥料用量固氮菌分子群落结构特点。

关键词: 秸秆还田; 灰棕冲积水稻土; 微生物生物量; PCR-DGGE; 固氮菌群落结构

Effect of different fertilizer combinations and straw return on microbial biomass and nitrogen-fixing bacteria community in a paddy soil

LIU Xiaoqian¹, TU Shihua², SUN Xifa², GU Yunfu¹, ZHANG Xianqin¹, ZHANG Xiaoping^{1,*}

1 College of Resources and Environment, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China

2 Soil and Fertilizer Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China

Abstract: Chloroform fumigation and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) were employed to study the influence of different fertilizer treatments with crop residue return on microbial biomass and nitrogen-fixing bacteria community in a gray brown alluvial paddy soil at soil depth of 0—10 cm and 10—20cm. Results show that soil microbial biomass carbon (SMB-C), microbial biomass nitrogen (SMB-N) and diversity of nitrogen-fixing bacteria decreased with soil depths. The control treatment with straw removal had the lowest amounts of SMB-C and SMB-N. Among the treatments receiving straw return, the quantity of SMB-C and SMB-N in the treatments with low nitrogen rate and omitting was significantly lower than the full rate NPK treatment. Omission of phosphate on the basis of NPK nonsignificantly reduced the SMB-N compared to the NPK treatment. It shows that straw mulching with addition of adequate NPK fertilizers can significantly increase the SMB-C and SMB-N. The diversity indices of DGGE profiles indicate that the treatment with adequate NPK had the most abundant nitrogen-fixing bacterial diversity. According to UPGMA cluster analysis, dendrogram of the 10 treatments were

基金项目: 农业部公益性行业 (农业) 科研专项资助 (201003016)

收稿日期: 2012-05-29; 修订日期: 2012-10-26

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: luwenru@mail.caas.net.cn

different, and the micro-organisms at the 0—10cm and 10—20cm in the control treatment differed from all the other treatments and stood alone in a separate group. DGGE bands sequencing further revealed that the 14 closely related species were largely uncultured bacteria *nifH* gene fragment with the predominant community falling in the class of Proteobacteria in Betaproteobacteria. Application of PCR-DGGE can well interpret the community structure characteristics of the nitrogen-fixing bacteria molecules in the gray-brown alluvial paddy soil with straw return and different fertilizer treatments.

Key Words: straw return; gray-brown alluvial paddy soil; microbial biomass; PCR-DGGE; nitrogen-fixing bacteria community

我国的秸秆资源十分丰富,据统计全国每年共产生秸秆数量为 6.2 亿 t,约占世界的 20%—30%^[1],农作物秸秆中蕴含有大量的氮、磷、钾和中、微量元素等矿质养分。农作生产中产生的大量秸秆被焚烧,造成了营养物质流失和严重环境污染。秸秆还田作为秸秆利用的一种重要且有效的方式,既可以避免资源浪费和环境污染,同时也可以增加土壤有机质和养分的含量,提高孔隙度,降低土壤容重,还可以提高土壤微生物生物量及增强各种土壤酶的活性^[2],从而使作物更好更快地生长,提高作物产量。

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,在有机质分解、土壤养分循环和植物养分吸收利用过程中发挥着至关重要的作用^[3]。生物多样性越高的生态系统越稳定的 Elton 假说,受到大多数学者的认同。Tilman 通过直接控制生物多样性,对 147 个草地进行了实验研究。结果表明,草地生态系统的生物多样性影响着草地短期和长期的生产率及发展^[4]。一些研究者指出随着有机质的施入和化学肥料的减少,土壤微生物生物量和微生物活性都明显增加^[5]。秸秆覆盖与土壤微生物之间作用是相互促进相互影响的,一方面秸秆覆盖增加了土壤微生物生物量,提高微生物的活性^[6],另一方面土壤微生物生物量及活性的提高也会加快秸秆的腐解^[7]。

传统平板培养分离方法可分离出的微生物种类只占土壤微生物种类总数的 0.1%—1%^[8]。应用 PCR-DGGE 技术可以有效地避免在传统菌落培养分离过程由于微生态生境无法复制而造成的大量微生物多样性的丢失,能够更加全面而可靠的反映土壤微生物的组成情况,故其在微生物群落多样性研究中得到越来越广泛的应用^[9]。固氮细菌是生态系统中一类重要的功能菌群,它在土壤氮素循环发挥着不可取代的作用^[10]。目前有关秸秆还田条件下配合化肥使用对土壤微生物量和特殊生理类群微生物群落结果影响的研究还不多,关于秸秆还田下施用不同肥料对四川灰棕冲积水稻土微生物量及固氮菌群落结构的影响的研究更无报道。本研究将应用 PCR-DGGE 技术研究秸秆还田下不同施肥土壤固氮菌群落结构,并对土壤中的主要固氮菌群进行测序分析,从微生物角度了解秸秆还田土壤生态状况,为秸秆还田与合理施肥、水分管理、保护土壤微生物等方面的工作提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验点及实验处理

试验土壤采集于四川省农业科学院土壤肥料研究所于 2002 年建立在四川省广汉市西高镇的试验基地。该地为亚热带湿润气候,年均气温 16.3℃,积温 5980.4℃,降水量为 890.8mm,日照时数为 1229.2h,无霜期达 281d。试验开始于 2004 年 10 月,作物轮作为小麦水稻,一年两熟。土壤为灰棕冲积水稻土,试验前的土壤基本理化性质见表 1。试验采取完全随机区组设计方案,5 个处理: $N_{150}P_{60}K_{90}$ (CK, 无覆盖), 秸秆覆盖 + $N_{90}P_{60}K_{90}$ (SN_L), 秸秆覆盖 + $N_{150}P_{60}K_{90}$ (SCK), 秸秆覆盖 + $N_{150}P_{60}K_0$ (SNP) 和 秸秆覆盖 + $N_{150}P_0K_{90}$ (SNK), 3 次重复, 小区面积为 3m×4m。试验小区四周为 20cm 高田埂, 重复之间有排水沟。各处理肥料用量分别为, 氮肥 (N, 尿素) 90、150 kg/hm²; 磷肥 (P_2O_5 , 磷酸一铵) 0、60 kg/hm²; 钾肥 (K_2O , 氯化钾) 0、90 kg/hm²。每季作物收获后, 秸秆全部均匀覆盖于原试验小区, 连续覆盖免耕。小麦和水稻施肥时间和比例分别为, 氮肥 30% 作底肥施用, 70% 作分蘖肥施用; 磷肥全部作底肥施用; 钾肥 50% 作底肥, 50% 作分蘖肥。

表 1 供试土壤基本理化性质

Table 1 Some of the selected properties of the soil in study

pH	有机质 Organic M /(g/kg)	全氮 Total N /(g/kg)	全磷 Total P /(g/kg)	全钾 Total K /(g/kg)	碱解氮 Alk-hydr N /(mg/kg)	有效磷 Avail P /(mg/kg)	有效钾 Avail K /(mg/kg)
6.01	27.5	2.08	0.55	7.19	149.86	10.26	121.3

1.2 取样方法

于 2009 年 7 月水稻生长旺盛期,在田间采用“梅花型”布点取样,取样深度分别为 0—10cm(在处理代码后加 T 下标)和 10—20cm(在处理代码后加 s 下标)。将每一小区内同一取样点中相同深度土壤混匀,用无菌 PET 树脂袋封装带回实验室。立即进行土壤微生物数量分析和 DNA 的提取。另取一部分放于室内风干,研细过 2 mm 筛,用于土壤理化性质的分析。其它放在 -20℃ 的冰箱里保存以备后续分析。

1.3 土壤微生物生物量的测定。

土壤微生物生物量土壤微生物生物量碳(MBC)、微生物量氮(MBN)的测定采用氯仿熏蒸法^[11]。

1.4 土壤固氮菌群落结构的 PCR-DGGE 分析和系统发育树的构建

1.4.1 主要仪器和试剂 DGGE 所用仪器 the D-code TM Universal Mutation Detection System (Bio-Rad Co)。采取巢式一步 PCR 扩增 *nifH* 基因,巢式一轮引物为 FGPH19 和 PolR,巢式第二轮引物为 AQER 和 PolF-GC。(引物均由 Invitrogen 英杰生命技术公司合成),具体引物序列参见文献^[12]。切胶纯化试剂盒(TaKaRa,大连宝生物)纯化。

1.4.2 土壤微生物总 DNA 提取 采用土壤总 DNA 提取试剂盒(北京天恩泽基因科技有限公司),称取 0.5g 于 20℃ 保存的土样,按试剂盒提供的操作步骤进行土壤微生物总 DNA 的提取,在 0.8% 的琼脂糖凝胶中对提取的 DNA 进行电泳检测。

1.4.3 固氮菌 *nif-H* 基因的 PCR 扩增采用 Nested-PCR 程序。

第一次 PCR 所用引物为固氮菌 *nif-H* 基因的引物 FGPH 19 和 PolR,反应体系为:PCR Master Mix (Tiagen Biotech, Beijing) 25L,每种引物 0.5μL (20pmol/μL),0.5μL 10 倍稀释的土壤总 DNA 提取液,加 ddH₂O 至反应终体积 50μL。为减少扩增过程中的非特异性产物,采用 Touch-down PCR 程序,反应程序:94℃ 预变性 5min,94℃ 1min,65—55℃ 50s (每个循环温度降低 0.5℃,72℃ 1.30min,20 个循环,然后在其它条件不变的情况下,在 55℃ 的退火温度下继续扩增 15 个循环,72℃ 7 min,最后于 4℃ 恒定保存。

第二次 PCR 第一次 PCR 产物 1:10 稀释后作为二次 PCR 反应的模板进行,引物为 AQER 和 PolF-GC,反应的体系为:10×PCR buffer 缓冲液 5μL, MgCl₂ (25mmol/μL) 3μL, dNTP (2.5mmol/μL) 1μL, PolF-GC (20pmol/μL) 0.5μL, AQER (20pmol/μL) 0.5μL, Taq DNA 聚合酶 (5u/μL) (Tiagen Biotech, Beijing) 0.5μL,模板 DNA 1μL,加 ddH₂O 至终体积 50μL。反应程序是在第一轮 PCR 的基础上,退火温度变为在前 20 个循环为 63—53℃,接下来的后 15 个循环的退火温度为 53℃,其它步骤与第一轮 PCR 反应相同。

1.4.4 PCR 产物的变性梯度凝胶电泳(DGGE)分析

取第一次 PCR 产物 15μL 进行 DGGE 分析,变性剂梯度范围为 20%—50%,自配的聚丙烯酰胺凝胶浓度为 8% (100% 的变性剂为尿素 7 mol/L 和 40% 的去离子甲酰胺)。在 1×TAE 缓冲液中,50V 电压进胶 30 min,然后在 150V 60℃ 缓冲液中电泳 6h。电泳后采用银染法进行染色。然后用数码相机拍照。DGGE 指纹图谱分析借助于 Bio-Rad 公司的凝胶成像系统(Quantity One Bio-Rad, USA)分析样品电泳条带。

在图像处理过程中,在 DGGE 电泳图谱上有一些肉眼可见、但被软件忽略掉的细小条带进行手动添加,条带的密度由该软件自动算出。

1.4.5 DGGE 条带的切割、克隆与测序

从 DGGE 凝胶上仔细切下有用的 DGGE 条带装于 PCR 反应管中,用 50μL 无菌水反复冲洗 3 次后,加入

20 μ L 无菌水在 4℃ 冰箱过夜。次日 12000g 离心 5 min, 收集上清液。以此作为模板进行下一步的 PCR 扩增, 用引物 AQER 和 PolF, 进行 *nif-H* 基因 PCR 扩增。PCR 反应程序同 1.4.3 中第一次 PCR 反应。将上述 PCR 产物连接到 pMD19-T 载体 (Takara, 大连) 上, 转化到 *E. coli* DH5 α 感受态细胞中, 在含有氨苄青霉素的 LB 培养基上选择具有氨苄青霉素抗性的白色转化子。采用 T 载体通用引物 M13F, M13R 进行菌落 PCR, PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测是否为阳性克隆。测序工作由北京华大基因科技有限公司完成。

1.4.6 固氮基因 *nif-H* 序列分析

所得序列提交到 GenBank 数据库中, 并用 BLAST 程序进行同源性比对, 获得与本实验所得序列相似性最高的序列。将这些相似性较高序列与本实验获得的固氮基因 *nif-H* 序列一起, 使用 Clustal X1.83 工具进行多序列比对。然后使用 MEGA 软件中的 Kimura 双参数修正模型进行系统发育树的构建。

1.5 数据处理

用 Quantity One 分析软件分析得到相似性指数; 以 Shannon-Wiener 指数反映固氮菌多样性, 香浓指数计算方法采用 Eichner 等^[13] 和 Hedrick 等^[14] 的方法; 数据处理用 Microsoft Excel 2000 进行, 统计与显著性检测利用 SPSS11.0 软件进行。

2 结果与分析

2.1 秸秆覆盖与不同施肥量对土壤微生物生物量碳、氮的影响

农田生态系统中土壤微生物生物量的变化受到多种因素的影响如环境条件、施肥管理等, 同时它们能够灵敏地反映环境因子的变化, 故常被用于土壤质量生物学的评价指标之一^[15]。本研究中由于覆盖秸秆和不同的施肥处理, 导致土壤微生物利用的碳源数量、方式发生变化, 从而使不同处理的土壤微生物生物量碳、氮表现出差异。供试土壤微生物生物量碳的变化范围介于 156.97—229.37mg/kg, 微生物生物量氮的变化则介于 21.87—35.85mg/kg, 最低值均是没有覆盖秸秆的对照组的下层 (10—20cm) 土样。SCK_T 与 CK_T 处理的微生物生物量碳、氮差异显著说明覆盖秸秆配施定量的氮磷钾肥能够使土壤微生物量碳、氮有明显的提高。处理 SCK_T 的微生物生物量碳、氮明显高于 SN_{LT}, 说明秸秆覆盖还田后只有当氮素充足时微生物才更容易繁殖。SNP_T 处理的微生物量碳、氮明显低于 SCK_T, 表明秸秆覆盖还田配施相同的氮肥磷肥, 但不施钾肥不利于微生物生长。处理 SNK_T 微生物量碳显著低于处理 SCK_T, 而其微生物量氮虽也较低但却没有显著性差异, 说明磷肥对于土壤微生物生物量碳、氮的影响不相同。同时说明磷对于微生物的代谢具有重要的作用^[16]。不同处理的下层土壤之间的差异与上层相似, 且同一处理的上下层土壤的微生物生物量碳有显著性差异, 而微生物生物量氮均没有显著性差异。

土壤微生物生物量碳氮比 (SMBC/SMBN) 可反映微生物群落结构信息, 其显著的变化表明微生物群落结构变化直接影响微生物量的高低^[17]。一般情况下细菌的碳氮比在 5:1 左右。Petra Marschnera 等^[18] 认为土壤有机碳的含量和碳氮比能够显著影响土壤细菌群落结构的变化。不同处理间土壤微生物群落结构的相似性或多样性变化主要是由于秸秆还田下不同施肥土壤的微域生境的改变所致, 这种改变影响了土壤生境对多种微生物的适宜性。从表 2 看出, 微生物生物量碳氮比的范围 5.52—7.26 之间。同一层土样不同处理的微生物碳氮比并没有差异, 同一处理的上层土壤与下层之间也没有显著性差异。说明秸秆还田为微生物提供了充足的碳源, 配施适量氮磷钾肥增加了土壤养分, 但是对土壤微生物生物量碳、氮的影响却不相同, 这可能是因为复杂的环境因素对微生物有着多方面的影响。只有微生物碳氮比合适, 且具有较高有效利用性, 才能促进微生物繁殖, 从而增加土壤微生物生物量。

2.2 DGGE 图谱分析

固氮菌被认为是土壤氮素循环中固氮环节不可或缺的重要成员。对固氮菌群落结构和与固氮相关的种群动态研究对于人们了解不同环境下的生态系统过程十分重要。许多研究试图通过不同的分离技术去研究土壤中具有固氮功能的固氮菌, 但是对大多数生态系统来说, 细菌中不可培养部分占了总数的绝大多数。通过靶定固氮酶编码基因 *nifH* 的 PCR 扩增和变性梯度凝胶电泳 (DGGE) 分析, 为深入了解固氮菌种群提供了

很好的途径^[22]。

表 2 秸秆还田下不同施肥处理的土壤微生物生物量碳氮
Table 2 Microbial biomass C and N under different fertilizer with crop residue return

处理 * Treatment	微生物量碳 SMB-C /(mg/kg)	微生物量氮 SMB-N /(mg/kg)	微生物量碳氮比 SMB-C/SMB-N
CK _T	173.6±4.96b	25.27±3.88ab	6.99±1.15ab
CK _S	156.97±9.70a	21.87±2.39a	7.26±1.19b
SN _L T	196.9±7.19d	29.5±4.53bcd	6.81±1.35ab
SN _L S	175.67±11.48bc	25.05±2.03ab	7.05±0.8ab
SCK _T	229.37±14.4e	35.85±4.12e	6.47±0.99ab
SCK _S	213.66±4.38f	31.39±2.87cde	6.84±0.51ab
SNP _T	182.56±4.43bcd	26.57±3.92abc	6.96±0.92ab
SNP _S	169.88±8.30ab	24.83±2.29ab	6.86±0.34ab
SNK _T	189.68±6.07cd	34.5±3.23de	5.52±0.35a
SNK _S	173.06±9.06b	30.26±1.97bcde	5.73±0.38ab

* CK 为无秸秆覆盖处理(N₁₀P₄K₆), SN_L 为秸秆覆盖+N₆P₄K₆(低量氮肥), SCK 为秸秆覆盖+N₁₀P₄K₆, SNP 为秸秆覆盖+N₁₀P₄K₀, SNK 为秸秆覆盖+N₁₀P₀K₆, 处理代码的下标_T表示 0—10cm 土层, _S表示 10—20cm 土层;表中数据为平均值±标准差;表中同列相同小写字母表示 *P*≥0.05 水平无显著性差异

土壤中固氮酶编码基因 *nifH* 的扩增片段通过 DGGE 被分成了许多条带,不同的条带代表不同的固氮细菌及基因片段。结果如图 1,从图中我们可以初步看出:供试土壤在 DGGE 图谱中电泳条带数目、强度和迁移率均存在一定程度的差异,充分显示了固氮细菌的多样性。每个泳道中条带的亮度反映出固氮菌相对生物量

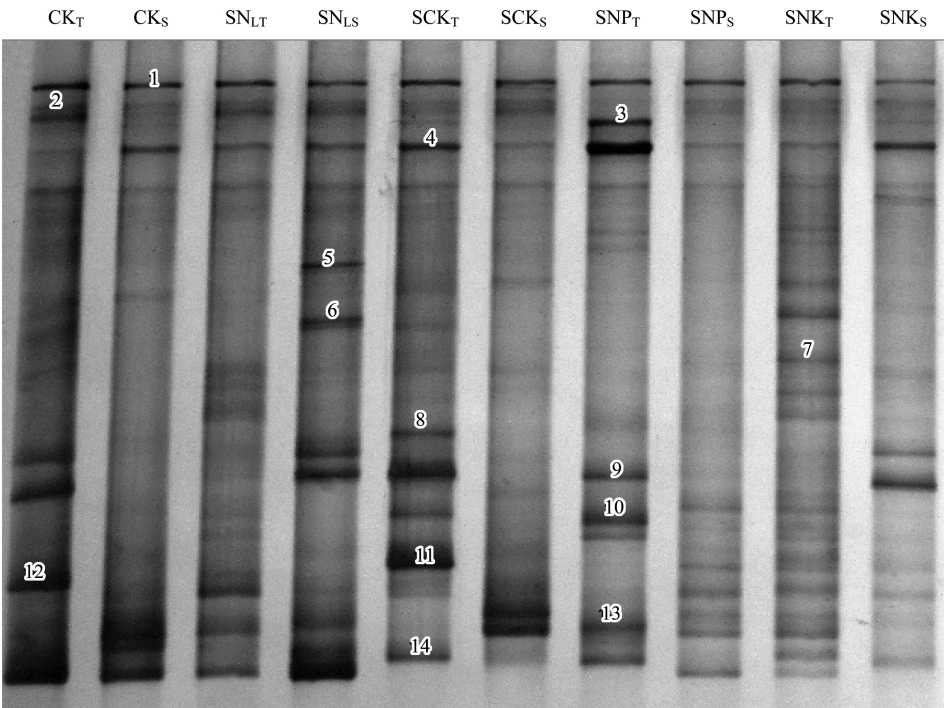


图 1 土壤固氮菌 *nifH* 基因的 PCR-DGGE 图谱
Fig.1 PCR-DGGE profiles of soil microbial *nifH* genes

条带近缘菌株依次为 Closest relatives in turn:1. Azospirillum brasilense strain AWB12 (GQ161239.1,90%); 2. Uncultured soil bacterium clone T01 (EU331520.1, 92%); 3. Uncultured bacterium clone KW-B4 (HQ335637.1,96%); 4. Uncultured bacterium clone BNnif4 (HQ190124.1, 96%); 5. Uncultured bacterium clone U1C_12 (DQ520301.1,97%); 6. Pseudacidovorax sp ptl-2(GQ249664.1, 94%); 7. Azospira oryzae strain (U97115.2,90%); 8. Uncultured bacterium clone (DQ140703.1,88%); 9. Uncultured bacterium clone pPS204 (FJ381614.1,95%); 10. Uncultured Burkholderia sp isolate DGGE (HM565855.1,94%); 11. Uncultured bacterium isolate DGGE (GU097344,95%); 12. Uncultured bacterium clone BNnif22 (HQ190133.1,95%); 13. Uncultured bacterium clone BNnif7 (HQ190131.1, 98%); 14. Ideonella dechloratans (EU542578.1,93%)

的多少,电泳条带的多少可以直观地反映样品中固氮菌群落的遗传多样性。从指纹图谱可以看出每个样品均可分离到 10 到 18 条不等的条带。条带数目最少的是 CK_s 处理,条带数目最多的是 SCK_T 处理,表明配施足够的氮磷钾肥+秸秆覆盖能够维持土样营养物质的充足,防止植物与微生物争氮,更有利于固氮细菌的生长繁殖。图谱中不同土壤间有一些共同的条带如条带 1、4,说明供试土壤间存在共同的固氮菌类群,但是这些共有条带的亮度不相同,说明土壤固氮菌的数量有一定的改变。

2.3 土壤固氮菌多样性指数

根据电泳图谱中每个条带的信息,对不同处理土壤中固氮菌多样性指数(H)、丰度(S)和均匀度(E_H)等指标进行综合分析,结果如表 3 所示。结果表明,多样性指数和丰富度最高的处理是 SCK_T,其值分别为 2.86 和 18.00;而最低的是 CK_s,这两个值仅为 2.38 和 10.33。统计学分析后得知,处理 SCK_T 和 CK_T 多样性指数及丰富度均有显著性差异,说明覆盖秸秆后配施氮磷钾肥能够明显的提高土壤固氮菌的多样性。处理 SCK_T 的多样性指数和丰富度明显大于 SN_{LS},说明覆盖秸秆配施相同量的磷钾肥,氮肥施用高的土壤固氮菌多样性指数更大。土壤生境碳氮比需要维持在一定的水平,由于配施秸秆后土壤碳素增加,只有当配施足够的氮才能防止微生物与植物争氮,更有利于微生物的生长繁殖^[2]。SNP_T 处理的多样性指数和丰富度明显低于 SCK_T 处理,表明秸秆覆盖后只配施氮磷肥、缺少钾肥不利于固氮菌的生长。SNK_T 处理的多样性指数和丰富度低于 SCK_T 处理但没有明显差异,表明磷肥对于固氮菌多样性指数有一定影响但是并没有统计学上的意义。从表 3 可以看出,同一个处理的上下层土壤多样性指数及丰富度均没有显著差异。同一处理的上层或下层土壤固氮菌的均匀度除了处理 SCK_T 和 SCK_s 有差异外,其余上下层处理均没有显著差异。不同处理的上层土壤固氮菌的均匀度中处理 SCK_T 只与处理 SNP_T 有显著性差异,不同处理的下层土壤中处理 SCK_s 与处理 SNP_s 也有显著性差异,说明钾肥对于固氮细菌均匀度也有一定的影响。

表 3 秸秆还田下不同施肥处理土壤固氮基因 *nifH* 多样性指数

Table 3 Soil microbial *nifH* genes as affected by different fertilizer combinations and straw mulch

处理 Treatment	多样性指数(H) Diversity index	丰富度(S) Richness	均匀度(E_H) Evenness
CK _T	2.43±0.05ab	11.67±0.58ab	1.001±0.0150bc
CK _s	2.38±0.02a	10.33±1.53a	0.982±0.097abc
SN _{LT}	2.47±0.02b	13.33±1.53bc	0.981±0.0465abc
SN _{LS}	2.43±0.04ab	11.67±1.15ab	0.975±0.031abc
SCK _T	2.86±0.05c	18.00±1.00d	1.014±0.018c
SCK _s	2.85±0.01c	17.33±1.15d	0.932±0.017ab
SNP _T	2.44±0.03ab	14.00±1.00c	0.929±0.018a
SNP _s	2.40±0.01a	13.00±1.00bc	0.920±0.034a
SNK _T	2.83±0.01c	18.67±0.58d	0.963±0.014abc
SNK _s	2.82±0.02c	17.00±1.00d	0.935±0.028ab

2.4 土壤固氮菌群落相似性分析

进一步利用 Quantity One 软件(Bio-Rad)对 DGGE 图谱的条带数和亮度进行数字化处理,并依此为依据进行聚类分析,得到各处理间的聚类分析结果(图 2)。10 个处理聚类为三大族群,CK_T、CK_s 为一种族群;SN_{LT}、SN_{LS}、SNP_T、SNP_s 为一个族群;SCK_T、SCK_s、SNK_T、SNK_s 为第三族群。通过 DGGE 聚类图可以看出,相同的处理的上下层土壤聚到了一起,不同处理聚在了不同的族群里,说明秸秆覆盖和不同的施肥方式都导致土壤理化性质差异,从而导致不同处理间的土壤固氮菌群落结构的影响不一致。从图中可以看出,只施肥而不覆盖秸秆的处理单独聚成了一族,说明覆盖秸秆使土壤固氮菌的群落结构发生了明显变化。

2.5 DGGE 条带测序分析

根据土壤固氮菌 DGGE 图谱中出现的优势和特殊共有条带进行测序,将所得序列输入 NCBI 网站将同源

性较高的序列下载,通过 Clustal X1.83, Mega Soft 等软件构建系统发育树。结果如图 3。从系统树可见该固氮菌群有丰富的菌种组成多样性,14 个条带的近缘种大部分为非培养细菌 *nifH* 基因片段,主要优势菌群其归属于变形菌门 (*Proteobacteria*) 的 β -变形菌纲 (*Betaproteobacteria*) 非培养伯克氏菌属、假食酸菌属 (*Pseudacidovorax*)、*Azospira* 属、*Ideonella* 属。14 个条带分属于 4 个主要的簇,其中第一簇中的 band 10、band 11、band 12、band 13 与铜矿荒地的非培养伯克氏菌属固氮细菌 HM565855.1 十分相似,band 3 与荷兰 Kollumerwaard 土壤非培养细菌 HQ335637.1 十分相似、band 14 与 *Ideonella dechloratans* 菌株 EU542578.1 相似性为 94%,第二簇中 band 2、band 5、band 6 与假食酸菌属 (*Pseudacidovorax*) 菌株聚在一起,band 1、band 4、band 7 与 *Azospira* 属菌株聚为第三簇,band 8、band 9 与其它序列差异较大单独成簇,其为未确定归属的固氮细菌。

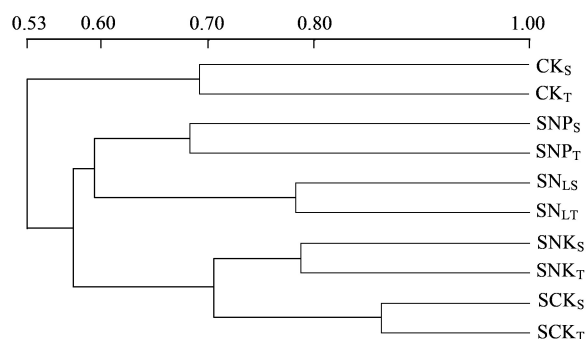


图 2 DGGE 图谱聚类分析

Fig. 2 Cluster analysis of DGGE banding patterns

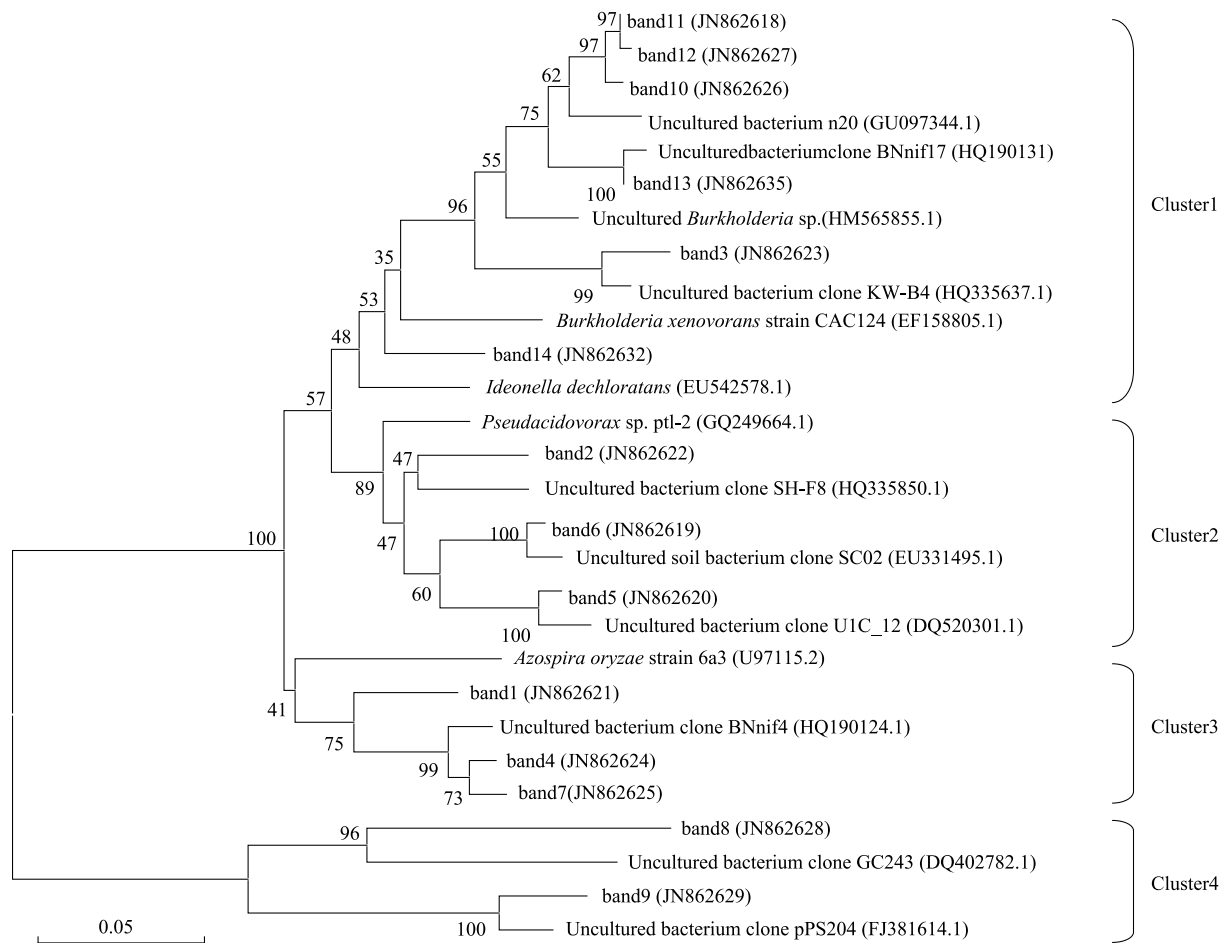


图 3 DGGE 切胶条带的系统发育树,序列的 GenBank 登录号列于括号中,尺长度为 5% 的核苷酸置换率

Fig. 3 Phylogenetic tree of sequences from DGGE bands. Numbers in parentheses represent the sequences accession number in GenBank.

The scale bar; 5% sequence divergence

3 讨论

3.1 秸秆还田能有效改善土壤物理性结构,改善各类土壤细菌营养条件与提高细菌活性,有机肥与秸秆还田

措施均可以提高不同功能土壤微生物类群的活性,有效的提高了氮肥的利用效率,使农作物产量得到增加^[19]。微生物生物量碳、氮被认为是土壤活性养分的储存库,是植物生长可利用养分的重要来源^[11]。土壤微生物生物量碳、氮是土壤微生物躯体中所固定的碳素和氮素,其含量的多少决定于土壤中微生物的数量,是土壤微生物对碳素、氮素同化与固持作用这种动态过程的综合反映。Nie Jun^[20]等研究表明秸秆覆盖提高了微生物生物量碳和微生物生物量氮,与只施化肥田块相比,分别提高了 12.66% 和 15.07%;与对照相比,分别提高了 7.76% 和 31.42%。

本试验表明秸秆覆盖还田配施适量氮磷钾肥土壤微生物生物量碳氮的含量明显高于对照处理,说明秸秆还田为微生物生长和繁殖提供了大量的碳源和能源,同时施用的氮肥又为微生物的生长提供了较多的氮源,刺激了微生物的生长。在秸秆覆盖的处理中 SCK_T 、 SCK_S 分别高于 SN_{LT} 、 SN_{LS} ,即施氮肥较高的处理具有更高的微生物生物量碳、氮值。秸秆还田后,随着施氮量的增加,提供给微生物的氮素增多,促进了微生物的繁殖,加快了秸秆腐解。处理 SNP_T 、 SNK_T 的微生物生物量碳氮低于 SCK_T ,处理 SNP_S 、 SNK_S 的微生物生物量碳氮低于 SCK_S 。说明秸秆覆盖后需同时配施适量氮磷钾才能更好地为微生物的生长提供更全面的能源物质。秸秆覆盖下不同施肥配比对表层土壤影响更大,并随着土层加深而减少。其原因是表层土壤能较好地与外界进行物质与能量交换,进入土壤的有机物质最先聚集于表层,养分条件好,土壤微生物活动旺盛,有利于微生物的繁殖。本试验同一处理的上下层土壤的微生物生物量碳有显著性差异,而微生物量氮均没有显著性差异。说明本研究中 20cm 表土层内微生物生物量碳氮均受到秸秆覆盖及施肥的影响,但是影响的程度和方式却不相同。

3.2 PCR-DGGE 技术是从微生物基因多样性的角度研究土壤微生物群落结构的方法,近年来已经成为国内外研究的热点^[21]。与纯培养相比,PCR 克隆、RFLP 分析等非培养方法被用于研究不同环境下 *nifH* 基因的组成和多样性,更有利于对固氮生物进行完整和深入的探索和研究。采用 PCR-DGGE 方法对秸秆覆盖还田下不同施肥处理的土壤微生物 *nifH* 基因多样性及群落结构组成进行研究,从指纹图谱我们可以看出不同处理土壤固氮微生物群落结构有一定的差异。Juraeva 等研究发现,土壤总氮含量能够影响固氮微生物的分布^[22]。Keeling 等研究表明,土壤碳氮比例影响着土壤固氮微生物的活性^[23]。因此,土壤理化性质的差异可以影响固氮微生物的群落结构。对 DGGE 图谱进行聚类分析和多样性统计表明同层间 SCK_T 、 SCK_S 处理具有最高的多样性指数及丰富度,而仅 CK_T 、 CK_S 对照组这两个值最小。结果说明秸秆覆盖还田配合不同施肥措施改变了土壤的营养状况,改善土壤的生物学特征,导致土壤固氮微生物多样性发生变化。Baumann 等研究也指出植物残留物能够影响微生物的呼吸和微生物群落结构^[24]。从样品 DGGE 优势条带测序结果可以看出,这些条带中最多的是非培养固氮细菌,其余对应的同源性最高的微生物分别属于变形菌门 (*Proteobacteria*)、 β -变形菌纲 (*Betaproteobacteria*) 的非培养伯克氏菌属、假食酸菌属 (*Pseudacidovorax*)、*Azospira* 属以及 *Ideonella* 属。说明本实验土壤中固氮菌遗传多样性较为丰富。Bodelier 等也证明了像水稻这样的淹水作物的根际土壤中氧量较低,特别适合于进行生物固氮^[25]。本研究运用 PCR-DGGE 方法得到的这些固氮细菌还未被培养或不可培养,故很难鉴定它们在耕作土壤中的生态功能,要具体了解这些优势菌群的结构与功能,还需要做更全面细致的研究。

References:

- [1] Jiang Y H, Yu Z R, Ma Y L. The effect of stubble return on Agro-ecological system and crop growth. Chinese Journal of Soil Science, 2001, 32 (5): 209-213.
- [2] Hong C L, Wei Y Z, Huang J F, Wang R Y, Yang X E. Effects of total crop straw return on soil fertility and field ecological environment. Journal of Zhejiang University: Agriculture and Life Sciences, 2003, 29(6): 627-633.
- [3] Steenwerth K L, Jackson L E, Calderón F J, Stromberg M R, Scow K M. Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(11): 1599-1611.
- [4] David Tilman D, Johannes Knops J, David Wedin D, Reich P, Ritchie M, Siemann E. The influence of functional diversity and composition on ecosystem processes. Science, 1997, 277(5330): 1300-1302

- [5] Clough Y, Kruss A, Tschamtk T. Organic versus conventional arable farming systems: functional grouping helps understand staphylinid response. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2007, 118(1/4): 285-290.
- [6] Yu C Y, Liu H, Xing Y D, Manukovskiy N S, Kovalev V S, Gurevich Y L. Bioconversion of rice straw into a soil-like substrate. *Acta Astronautica* 2008, 63(7/10): 1037-1042.
- [7] Bowen R M, Harper S H T. Decomposition of related compounds by fungi isolated from straw wheat straw and in arable soil. *Soil Biology Biochemistry*, 1990, 22(3): 393-399.
- [8] Chen H, Tang X S, Lin J, Zhang B S, Ren D M. Community constitute and phylogenetic analysis on soil uncultured microorganism. *Acta Microbiologica Sinica*, 2002, 42(4): 478-483.
- [9] Kisand V, Wikner J. Limited resolution of 16S rDNA DGGE caused by melting properties and closely related DNA sequences. *Journal of Microbiological Methods*, 2003, 54(2): 83-191.
- [10] Dixon R, Kahn D. Genetic regulation of biological nitrogen fixation. *Nature Reviews Microbiology*, 2004, 2(8): 621-631.
- [11] Wu J S, Lin Q M, Huang Q Y, Xiao H A. *The Method of Measuring Soil Microbial Biomass and Its Application*. Beijing: China Meteorological Press, 2006.
- [12] Diallo M D, Willems A, Vloemans N, Cousin S, Vandekerckhove T T, de Lajudie P, Neyra M, Vyverman W, Gillis M, Van der Gucht K. Polymerase chain reaction denaturing gradient gel electrophoresis analysis of the N₂-fixing bacterial diversity in soil under *Acacia tortilis* ssp. *raddiana* and *Balanites aegyptiaca* in the dryland part of Senegal. *Environmental Microbiology*, 2004, 6(4): 400-415.
- [13] Eichner C A, Erb R W, Timmis K N, Wagner-Döbler J. Thermal gradient gel electrophoresis analysis of bioprotection from pollutant shocks in the activated sludge microbial community. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65(1): 102-109.
- [14] Hedrick D B, Peacock A, Stephen J R, Macnaughton S J, Brüggemann J, White D C. Measuring soil microbial community diversity using polar lipid fatty acid and denaturing gradient gel electrophoresis data. *Journal of Microbiological Methods*, 2000, 41(3): 235-248.
- [15] Lin X G, Hu J L. Scientific connotation and ecological service function of soil microbial diversity. *Acta Pedologica Sinica*, 2008, 45(5): 892-900.
- [16] Zheng S X, Hu J L, Chen K, Yao J, Yu Z N, Lin X G. Soil microbial activity measured by microcalorimetry in response to long-term fertilization regimes and available phosphorus on heat evolution. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(10): 2094-2099.
- [17] Lovell R D, Jarvis S C, Bardgett R D. Soil microbial biomass and activity in long-term grassland: effects of management changes. *Soil Biology and Biochemistry*, 1995, 27(7): 969-975.
- [18] Marschner P, Kandeler E, Marschner B. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(3): 453-461.
- [19] Ye W P, Xie X L, Wang K R, Li Z G. Effects of rice straw manuring in different periods on growth and yield of rice. *Chinese Journal of Rice Science*, 2008, 22(1): 65-70.
- [20] Nie J, Zhou J M, Wang H Y, Chen X Q, Du C W. Effect of long-term rice straw return on soil Glomalin, Carbon and Nitrogen. *Pedosphere*, 2007, 17(3): 295-302.
- [21] Petra M, Pauline F G, Zed R. Microbial community composition and functioning in the rhizosphere of three *Banksia* species in native woodland in Western Australia. *Applied Soil Ecology*, 2005, 28(3): 191-201.
- [22] Juraeva D, George E, Davranov K, Ruppel S. Detection and quantification of the *nifH* gene in shoot and root of cucumber plants *Canadian Journal of Microbiology*, 2006, 52(8): 731-739.
- [23] Keeling A A, Cook J A, Wilcox A. Effects of carbohydrate application on diazotroph populations and nitrogen availability in grass swards established in garden waste compost. *Bioresource Technology*, 1998, 66(2): 3814-3822.
- [24] Baumann K, Marschner P, Smernik R J, Baldock J A. Residue chemistry and microbial community structure during decomposition of eucalypt, wheat and vetch residues. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(9): 1966-1975.
- [25] Bodelier P L E. Interaction between oxygen-releasing roots and microbial processes in flooded soils and sediments//de Kroon H, Visser E J W, eds. *Root Ecology*. Ecology Studies. New York: Springer, 2003, 168: 331-362.

参考文献:

- [1] 江永红, 宇振荣, 马永良. 秸秆还田对农田生态系统及作物生长的影响. *土壤通报*, 2001, 32(5): 209-213.
- [2] 洪春来, 魏幼璋, 黄锦法, 王润屹, 杨肖娥. 秸秆全量直接还田对土壤肥力及农田生态环境的影响研究. *浙江大学学报: 农业与生命科学版*, 2003, 29(6): 627-633.
- [8] 陈灏, 唐小树, 林洁, 张伯生, 任大明. 不经培养的农田土壤微生物种群构成及系统分类的初步研究. *微生物学报*, 2002, 42(4): 478-483.
- [11] 吴金水, 林启美, 黄巧云, 肖和艾. 土壤微生物量测定方法及其应用. 北京: 气象出版社, 2006: 54-61.
- [15] 林先贵, 胡君利. 土壤微生物多样性的科学内涵及其生态服务功能. *土壤学报*, 2008, 45(5): 892-900.
- [19] 叶文培, 谢小立, 王凯荣, 李志国. 不同时期秸秆还田对水稻生长发育及产量的影响. *中国水稻科学*, 2008, 22(1): 65-70.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 33, No. 17 Sep. ,2013 (Semimonthly)

CONTENTS

Frontiers and Comprehensive Review

- The overview and prospect of chemical composition of plant cuticular wax ZENG Qiong, LIU Dechun, LIU Yong (5133)
- Research progresses in carbon budget and carbon cycle of the coastal salt marshes in China
..... CAO Lei, SONG Jinming, LI Xuegang, et al (5141)

Autecology & Fundamentals

- Effects of straw interlayer on soil water and salt movement and sunflower photosynthetic characteristics in saline-alkali soils
..... ZHAO Yonggan, PANG Huancheng, LI Yuyi, et al (5153)
- Adaptations of dimorphic seeds and seedlings of *Suaeda salsa* to saline environments
..... LIU Yan, ZHOU Jiachao, ZHANG Xiaodong, et al (5162)
- Responses of root morphology of peanut varieties differing in drought tolerance to water-deficient stress
..... DING Hong, ZHANG Zhimeng, DAI Liangxiang, et al (5169)
- The relationship between physiological indexes of apple cultivars and resistance to *Eriosoma lanigerum* in summer
..... WANG Xicun, ZHOU Hongxu, YU Yi, et al (5177)
- Physiological responses of *Salicornia bigelovii* to salt stress during the flowering stage
..... LIU Weicheng, ZHENG Chunfang, CHEN Chen, et al (5184)
- Biological characteristics and cultivation of fruit body of wild medicinal mushroom *Perenniporia fraxinea*
..... LU Tie, BAU Tolgor (5194)
- The study of characteristics of soil microbial communities at high severity burned forest sites for the Great Xingan Mountains: an
example of slope and aspect BAI Aiqin, FU Bojie, QU Laiye, et al (5201)
- Effect of different fertilizer combinations and straw return on microbial biomass and nitrogen-fixing bacteria community in a paddy
soil LIU Xiaoqian, TU Shihua, SUN Xifa, et al (5210)
- Structural characters and nutrient contents of leaves as well as nitrogen distribution among different organs of big-headed wheat
..... WANG Lifang, WANG Dexuan, SHANGGUAN Zhouping (5219)
- Effects of EP-1 on spatial memory and anxiety in *Mus musculus* WANG Xiaojia, QIN Tingting, HU Xia, et al (5228)

Population, Community and Ecosystem

- Gap characteristics in the mixed broad-leaved Korean pine forest in Xiaoxing'an Mountains
..... LIU Shaochong, WANG Jinghua, DUAN Wenbiao, et al (5234)
- Soil nitrogen and phosphorus stoichiometry in a degradation series of *Kobresia humilis* meadows in the Tibetan Plateau
..... LIN Li, LI Yikang, ZHANG Fawei, DU Yangong, et al (5245)
- An analysis of carbon flux partition differences of a mid-subtropical planted coniferous forest in southeastern China
..... HUANG Kun, WANG Shaoqiang, WANG Huimin, et al (5252)
- The niche of annual mixed-seeding meadow in response to density in alpine region of the Qilian Mountain, China
..... ZHAO Chengzhang, ZHANG Jing, SHENG Yaping (5266)
- Functional feeding groups of macrozoobenthos from coastal water off Rushan PENG Songyao, LI Xinzhen (5274)

Landscape, Regional and Global Ecology

- Effects of selective cutting on vegetation carbon storage of boreal *Larix gmelinii*-*Carex schmidtii* forested wetlands in Daxing'anling,
China MU Changcheng, LU Huicui, BAO Xu, et al (5286)
- CO₂ flux in the upland field with corn-rape seed rotation in the karst area of southwest China
..... FANG Bin, LI Xinqing, CHENG Jianzhong, et al (5299)
- Monitoring spatial variability of soil salinity in dry and wet seasons in the North Tarim Basin using remote sensing and electromagn-
etic induction instruments YAO Yuan, DING Jianli, LEI Lei, et al (5308)
- Methane and nitrous oxide fluxes in temperate secondary forest and larch plantation in Northeastern China
..... SUN Hailong, ZHANG Yandong, WU Shiyi (5320)
- Butterfly diversity and vertical distribution in eastern Tianshan Mountain in Xinjiang
..... ZHANG Xin, HU Hongying, LÜ Zhaozhi (5329)

- Dynamics of aerodynamic parameters over a rainfed maize agroecosystem and their relationships with controlling factors CAI Fu, ZHOU Guangsheng, MING Huiqing, et al (5339)
- The response process to extreme climate events of the household compound system in the northern slope of Tianshan Mountain LI Xiliang, HOU Xiangyang, DING Yong, et al (5353)
- Analysis on spatial-temporal heterogeneities of landscape fragmentation in urban fringe area; a case study in Shunyi district of Beijing LI Can, ZHANG Fengrong, ZHU Taifeng, et al (5363)
- Resource and Industrial Ecology**
- CPUE Standardization of *Illex argentinus* for Chinese Mainland squid-jigging fishery based on generalized linear Bayesian models LU Huajie, CHEN Xinjun, CAO Jie (5375)
- Spatial-temporal differentiation of water quality in Gufu River of Three Gorges Reservoir RAN Guihua, GE Jiwen, MIAO Wenjie, et al (5385)
- Urban, Rural and Social Ecology**
- Comparison environmental impact of the peasant household in han, zang and hui nationality region; case of zhangye, Gannan and Linxia in Gansu Province ZHAO Xueyan, MAO Xiaowen (5397)
- Research Notes**
- The seasonal variation and community structure of zooplankton in China sea DU Mingmin, LIU Zhensheng, WANG Chunsheng, et al (5407)
- Immunotoxicity of marine pollutants on the clam *Ruditapes philippinarum* DING Jianfeng, YAN Xiwu, ZHAO Liqiang, et al (5419)
- Influence of submerged macrophytes on phosphorus transference between sediment and overlying water in decomposition period WANG Lizhi, WANG Guoxiang (5426)
- Distribution patterns of alien herbs in the Yiluo River basin GUO Yili, DING Shengyan, SU Si, et al (5438)

《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 张利权

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 17 期 (2013 年 9 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 17 (September, 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