

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第33卷 第5期 Vol.33 No.5 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 (SHENTAI XUEBAO)

第33卷 第5期 2013年3月 (半月刊)

目 次

前沿理论与学科综述

- 氮沉降对森林土壤有机质和凋落物分解的影响及其微生物学机制 王晶苑, 张心昱, 温学发, 等 (1337)
工业大麻对重金属污染土壤的治理研究进展 梁淑敏, 许艳萍, 陈 裕, 等 (1347)
最佳管理措施评估方法研究进展 孟凡德, 耿润哲, 欧 洋, 等 (1357)
灌木年轮学研究进展 芦晓明, 梁尔源 (1367)

个体与基础生态

- 华北落叶松夜间树干液流特征及生长季补水格局 王艳兵, 德永军, 熊 伟, 等 (1375)
土壤干旱胁迫对沙棘叶片光合作用和抗氧化酶活性的影响 裴 斌, 张光灿, 张淑勇, 等 (1386)
湖北石首麋鹿昼间活动时间分配 杨道德, 李竹云, 李鹏飞, 等 (1397)
三种杀虫剂亚致死浓度对川硬皮肿腿蜂繁殖和搜寻行为的影响 杨 桦, 杨 伟, 杨春平, 等 (1405)

种群、群落和生态系统

- 三沙湾浮游动物生态类群演替特征 徐佳奕, 徐兆礼 (1413)
滇西北高原纳帕海湿地湖滨带优势植物生物量及其凋落物分解 郭绪虎, 肖德荣, 田 昆, 等 (1425)
安徽新安江干流滩涂湿地草本植物区系及物种多样性 杨文斌, 刘 坤, 周守标 (1433)
湿地芦苇根结合好气细菌群落时空分布及其与水质因子的关系 熊 薇, 郭逍宇, 赵 霖 (1443)
三种温带树种叶片呼吸的时间动态及其影响因子 王兆国, 王传宽 (1456)
不同土壤水分条件下杨树人工林水分利用效率对环境因子的响应 周 洁, 张志强, 孙 阁, 等 (1465)
不同生态区域沙地建群种油蒿的钙组分特征 薛苹苹, 高玉葆, 何兴东 (1475)
藏北高寒草甸植物群落对土壤线虫群落功能结构的影响 薛会英, 胡 锋, 罗大庆 (1482)
铜尾矿废弃地土壤动物多样性特征 朱永恒, 沈 非, 余 健, 等 (1495)
环丙沙星对土壤微生物量碳和土壤微生物群落碳代谢多样性的影响 马 驿, 彭金菊, 王 芸, 等 (1506)
基于生态水位约束的下辽河平原地下水生态需水量估算 孙才志, 高 翳, 朱正如 (1513)

景观、区域和全球生态

- 佛山市高明区生态安全格局和建设用地扩展预案 苏泳娴, 张虹鸥, 陈修治, 等 (1524)
不同护坡草本植物的根系特征及对土壤渗透性的影响 李建兴, 何丙辉, 谌 芸 (1535)
京沪穗三地近十年夜间热力景观格局演变对比研究 孟 丹, 王明玉, 李小娟, 等 (1545)
窟野河流域河川基流量变化趋势及其驱动因素 雷泳南, 张晓萍, 张建军, 等 (1559)
模拟氮沉降条件下木荷幼苗光合特性、生物量与 C、N、P 分配格局 李明月, 王 健, 王振兴, 等 (1569)
铁炉渣施加对稻田甲烷产生、氧化与排放的影响 王维奇, 李鹏飞, 曾从盛, 等 (1578)

资源与产业生态

- 食用黑粉菌侵染对茭白植株抗氧化系统和叶绿素荧光的影响 闫 宁, 王晓清, 王志丹, 等 (1584)

- 佛手低温胁迫相关基因的差异表达 陈文荣,叶杰君,李永强,等 (1594)
美洲棘薺马对不同蔬菜寄主的偏好性 朱亮,石宝才,官亚军,等 (1607)
茉莉酸对棉花单宁含量和抗虫相关酶活性的诱导效应 杨世勇,王蒙蒙,谢建春 (1615)
造纸废水灌溉对毛白杨苗木生长及养分状况的影响 王烨,席本野,崔向东,等 (1626)
基于数据包络分析的江苏省水资源利用效率 赵晨,王远,谷学明,等 (1636)

研究简报

- 太岳山不同郁闭度油松人工林降水分配特征 周彬,韩海荣,康峰峰,等 (1645)
基于 TM 卫星影像数据的北京市植被变化及其原因分析 贾宝全 (1654)
薇甘菊萎焉病毒感染对薇甘菊光合特性和 4 种酶活性的影响 王瑞龙,潘婉文,杨娇瑜,等 (1667)
第七届现代生态学讲座、第四届国际青年生态学者论坛通知 (I)
中、美生态学会联合招聘国际期刊主编 (i)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 338 * zh * P * ¥ 90.00 * 1510 * 34 * 2013-03



封面图说:美丽的油松松枝——油松又称红皮松、短叶松。树高可达 30m,胸径达 1m。其树皮下部灰褐色,裂成不规则鳞块;针叶 2 针一束,暗绿色,较粗硬;球果卵形或卵圆形,长 4—7cm,有短柄,与枝几乎成直角。油松适应性强,根系发达,树姿雄伟,枝叶繁茂,有良好的保持水土和美化环境的功能,是中国北方广大地区最主要的造林树种之一,在华北地区无论是山区或平原到处可见,人工林很多,一般情况下在山区生长最好。在山区生长的油松,多在阴坡、半阴坡,土壤湿润和较肥沃的地方。

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/stxb201206280911

熊薇, 郭逍宇, 赵霏. 湿地芦苇根结合好气细菌群落时空分布及其与水质因子的关系. 生态学报, 2013, 33(5): 1443-1455.

Xiong W, Guo X Y, Zhao F. Spatial-temporal variation of root-associated aerobic bacterial communities of *phragmites australis* and the linkage of water quality factors in constructed wetland. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(5): 1443-1455.

湿地芦苇根结合好气细菌群落时空分布 及其与水质因子的关系

熊 薇^{1,2,3,4}, 郭逍宇^{1,2,3,4,*}, 赵 霏^{1,2,3,4}

(1. 首都师范大学资源环境与旅游学院, 北京 100048;

2. 北京市城市环境过程与数字模拟重点实验室-省部共建国家重点实验室培育基地, 北京 100048;

3. 三维信息获取与应用教育部重点实验室, 北京 100048; 4. 资源环境与地理信息系统北京市重点实验室, 北京 100048)

摘要:再生水作为河湖补充水已经成为再生水应用及城市水生态环境改善的重要方面,但是再生水富含营养元素极易导致水体富营养化。湿地微生物作为再生水净化的主要参与者在再生水净化及再生水补水湿地水生态恢复方面发挥重要作用。以北京奥林匹克公园再生水人工湿地净化系统为例,利用 ARDRA 技术分析湿地净化系统中芦苇根结合好气细菌群落结构的时空分布特征,并借助 CCA 排序的方法揭示根结合好气芦苇细菌群落结构与水环境因子的关系。结果表明:人工湿地净化系统芦苇根结合好气细菌群落结构季节差异明显,夏季较秋季细菌群落密度增加,群落多样性增高,均匀度增大;与秋季相比,夏季净化系统各处理区细菌群落结构差异较大即各处理区好气细菌优势类群变异较大,偶见类群频度较高,而秋季净化系统中各处理区优势类群趋同,偶见类群频度较低。无论夏季还是秋季空间变异规律均表现为潜流湿地较氧化塘更有利于微生物群落密度增高及细菌群落多样性增加,其季节变异较氧化塘更为显著;与循环水处理湿地相比,再生水处理湿地受进水水质的特有属性影响,具有最高群落密度与群落多样性。环境解释结果表明:芦苇根结合好气细菌类群 OTU₁、OTU₂₈ 在净化系统中具较稳定的丰度,是一些生态幅度比较广泛的种属,受水质变量影响较小,在细菌群落的物质和能量代谢中起重要作用,对人工湿地净化系统稳定性具重要贡献。水质变量 NH₄⁺、TN、ORP、TP 是芦苇根结合好气细菌群落结构季节差异的驱动因子,水质变量 NO₃⁻、TDS、pH、Sal 则是导致夏季细菌群落结构空间差异的关键因子。

关键词:再生水; 人工湿地; ARDRA; 细菌群落结构; 细菌多样性; CCA 排序

Spatial-temporal variation of root-associated aerobic bacterial communities of *phragmites australis* and the linkage of water quality factors in constructed wetland

XIONG Wei^{1,2,3,4}, GUO Xiaoyu^{1,2,3,4,*}, ZHAO Fei^{1,2,3,4}

1 College of Resources Environment and Tourism, Capital Normal University, Beijing 100048, China

2 Urban Environmental Processes and Digital Modeling Laboratory, Beijing 100048, China

3 Laboratory of 3D Information Acquisition and Application, MOST, Beijing 100048, China

4 Beijing Municipal Key Laboratory of Resources Environment and GIS, Beijing 100048, China

Abstract: Reclaimed water as supplemental source of urban rivers and lakes is regarded as an important approach to improve urban aquatic ecological environment. However, high concentration of nitrogen and phosphorus from reclaimed water can easily lead to eutrophication. Bacteria in constructed wetland are known to play an important role in aquatic

基金项目:国家自然科学基金(40901281)

收稿日期:2012-06-28; 修订日期:2012-12-12

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: xiaoyucnu@126.com

ecological remediation. The community structure and diversity of cultural associated bacteria in roots of reed (*phragmites australis*) growing in reclaimed water management system (reclaimed water treatment unit, cycling water treatment unit, oxidation ponds) in Beijing Olympic Park was investigated in summer and autumn by 16S rDNA cloning, Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis (ARDRA), and sequence homology comparison. Canonical Correspondence Analysis (CCA) and Two way Indicator Species Analysis (TWINSPAN) were used to estimate and statistical test the effects of environmental variables and other explanatory variables on bio-communities, especially to unravel the simultaneous response of the species in a bacteria community to environmental variations when the effects are hidden by other large sources of variation. Cluster analysis on bacteria clones showed that 29 operational taxonomic units (OTUs) were identified based on the similarity of ARDRA banding profiles in 328 cultural clones. Environmental changes resulted into a seasonal shift of bacteria community on community density and diversity in reclaimed water management system. Community density and evenness of root-associated aerobic bacteria in summer increased 76.37%—96.70% than those in autumn. Kinds of inflow (reclaimed water or cycling water) and types of matrix both contributed to spatial variability of bacterial community. There was relative high community diversity and density with reclaimed water inflow and IVCW matrix in reclaimed water treatment unit. Spatial variability of bacteria community in summer increased with altering dominant species in each unit and more accidental species. Therefore, reclaimed water treatment unit in summer with the highest community density (29.9×10^7 CFU/g roots weight) and the Shannon-Weaver ($H' = 1.824$). CCA and TWINSPAN analysis revealed that OTU₁ and OTU₂₈ in constructed wetland system were with the wide ecological amplitude, which contributed to the stability of constructed wetland system and hardly disturbed by water viabilities, played an important role in material metabolism and energy metabolism. NH₄⁺、TN、ORP、TP in water drove seasonal variability of community structure of reed root-associated aerobic bacteria, while NO₃⁻、TDS、pH、Sal in water led to spatial variability of community structure of reed root-associated aerobic bacteria of summer reclaimed management system.

Key Words: reclaimed water; constructed wetland; ARDRA; bacterial community structure and diversity; CCA

再生水作为一种稳定的再生水源,在缓解北京市湿地水资源供需矛盾、减轻湿地水环境汚染方面发挥了重要作用^[1-3],据统计到2010年北京市再生水利用6.8亿m³,其中河湖环境利用2.1亿m³,占再生水利用总量的30.9%^[4],但再生水中丰富的氮、磷含量决定了再生水利用必然会产生许多负面环境效应,再加上城市湿地多为封闭性水体,水流速度较缓,水体更新周期较长,水体生态系统结构较为单一,使得水体富营养化成为湿地再生水利用的最大障碍^[5]。

城市人工湿地不仅具有重要的景观作用,而且具有良好的环境污染修复能力,能有效去除水体氮、磷、各种有机物质、重金属氧化物,降低水体生化需氧量(BOD)、总悬浮固体(TSS)含量^[6-7],植物在人工湿地氮污染修复过程中扮演重要角色^[8],Oostrom等认为湿地中13%的氮是通过基质的过滤和植物吸收作用被去除的,湿地植物的净化作用主要是通过植物群落根际分泌物及凋落物的分解影响微生物群落的功能,进而影响系统的净化效能^[9]。Li等采用基因文库技术对北京翠湖人工湿地芦苇和香蒲根内生细菌群落结构分别进行研究,结果表明湿地植物根内生菌群落对湿地氮、磷、硫以及有机复合物具重要的降解作用,对湿地修复具重要意义^[10-11]。Atif等运用变性梯度凝胶电泳(DGGE)技术研究了两个典型垂直流人工湿地植物凋落物及沉积物中氮去除功能细菌的群落结构,结果表明功能细菌群落因基质不同及采样点位置不同而具有显著差异,功能细菌群落多样性与湿地净化系统功能作用相关^[12]。大量研究表明湿地植物根围细菌多样性与水体物理化学性质、湿地净化效率、人工湿地系统稳定性具显著相关性^[5,13-14],且具显著的季节动态特征^[15-16],但从环境因素角度揭示湿地微生物群落结构差异机制的研究尚鲜见报道。

借助于生态学多样性测度方法研究复杂多样的微生物群落结构已经较为成熟^[17-19],而湿地微生物多样性信息主要依靠培养法和非培养法如基于聚合酶链式反应(PCR)的限制性片段长度多态性分析

(ARDRA)、变性梯度凝胶电泳(DGGE)、荧光原位杂交(FISH)技术获得。尽管传统的微生物培养法对于研究微生物群落结构有不足之处,但培养法不仅对微生物资源的开发与利用具重要作用,而且可通过培养基的选择作用有针对性的反映人工湿地中具有不同分解作用的细菌类群,如在普通牛肉膏蛋白胨培养基上生长的细菌可能代表了对含氮有机污染物具有较强分解能力的微生物类群,而有机氮素如蛋白质、多肽、氨基酸和尿素等是富营养水体的主要污染元素,这一类群的细菌可能在氮污染水体的治理上具有重要的应用潜力^[20],对研究再生水补水湿地微生物净化机理具有重要作用。基于此本研究以北京奥林匹克公园再生水人工湿地净化系统为例,借助细菌培养与ARDRA相结合的技术分析研究夏秋两季的净化系统不同功能区湿地芦苇根结合好气细菌的数量、群落结构及其多样性,并借助典范对应分析(CCA)研究水质变量对群落结构的影响,揭示影响细菌群落结构特征变异的主要水质参数^[21],为再生水城市湿地利用提供合理的科学依据。

1 研究区概况

奥林匹克公园人工湿地净化系统地处北京市北部,位于奥林匹克公园园内,于2007年开始运行。该区属暖温带半干旱半湿润大陆性季风气候。多年平均气温11—12℃,极端最高气温41.6℃,极端最低气温-21.2℃。多年平均水面蒸发量在1200 mm左右,多年平均降雨量约600 mm。降雨年内分配不均,多集中在汛期6—9月,约占全年的85%。该净化系统以两个复合垂直流人工湿地为核心,以氧化塘为补充,形成多层次的净化系统,将来自清河再生水厂的再生水净化处理后作为奥林匹克公园主湖补充水源。其中,复合垂直流人工湿地由垂直向下流和垂直向上流两部分湿地构成。湿地系统内水生植物主要包括芦苇、香蒲、水葱、千屈菜等,植被覆盖度较高,可达70%—90%。净化系统各处理区分布及水流方向如图1^[22]。再生水作为补充水源首先进入复合垂直流人工湿地再生水处理区(RW),同时主湖水循环至复合垂直流人工湿地循环水处理区(CW),再生水处理出水经氧化塘区(OP)深化处理后进入主湖,主湖水停留后会进行下一次循环。

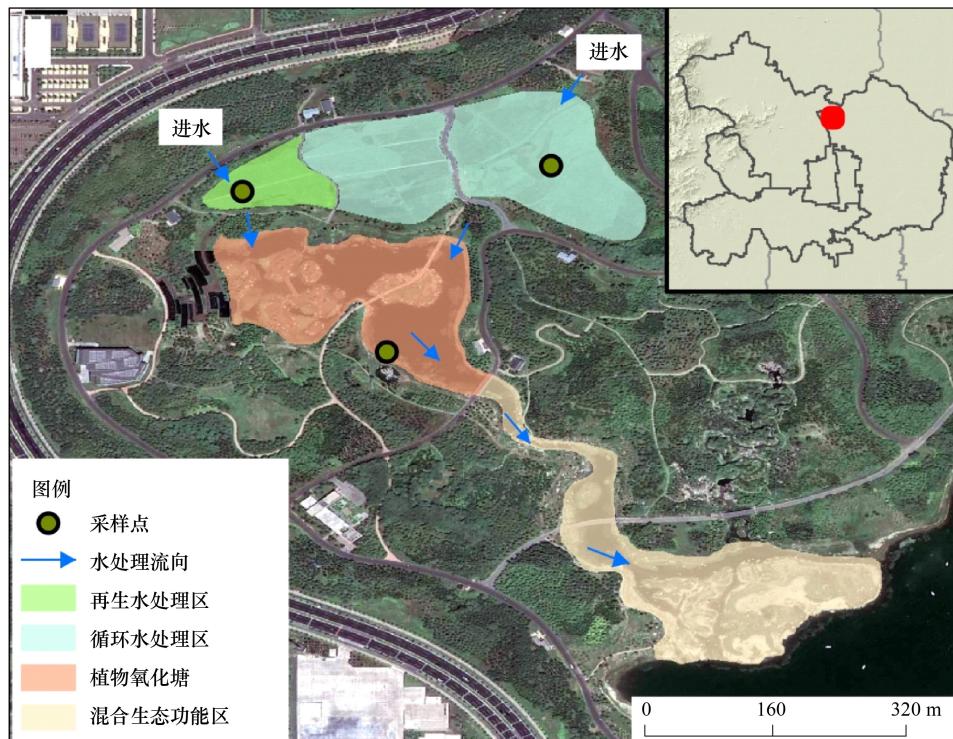


图1 北京奥林匹克公园再生水人工湿地净化系统示意图

Fig. 1 Location and distribution of the purification system in Beijing Olympic Park

2 材料与方法

2.1 芦苇根系样品采集及水质测定

选取研究区不同处理区典型湿地植物芦苇为研究对象,于2010年11月9日、2011年6月11日在人工湿

地净化系统中 RW、CW、OP 功能区分别获得芦苇根系样品, 新鲜表面附着基质的芦苇根系样品置于无菌三角瓶中密封, 立即带回实验室处理分析。并对样品进行编号, 夏季编号为 SRW、SCW、SOP, 秋季各功能区样品编号为 ARW、ACW、AOP。于夏、秋两季分别在 3 个功能区均匀布 3 个样点, 采集水样, 分析与氮污染相关的水体富营养化指标。水质样品低温储藏带回实验室处理。其中, 水体化学需氧量(COD)、总磷(TP)采用国标法测定, NH_4^+ 、 NO_3^- 浓度由离子色谱仪(ICS-1500 型、ICS-90 型, 美国 Dionex)测定, 水体总氮(TN)采用耶拿 Multi N/C UV 分析仪测定。其余水质参数, 包括叶绿素 a(CHL)、溶解氧(DO)、氯离子(Cl^-)、蓝绿藻(PCY)、盐度(Sal)、总溶解性固体(TDS)、电导系数(SPC)、氧化还原电位(ORP)由水质仪(Hydrolab Datasonde5 5 X, the United States)现场测定, 测定结果见表 1。

表 1 夏秋两季水质理化性质

Table 1 Water quality of constructed wetland in autumn and summer

参数 Parameter	夏季再生水区 SRW	夏季循环水区 SCW	夏季氧化塘 SOP	秋季再生水区 ARW	秋季循环水区 ACW	秋季氧化塘 AOP
酸碱度 pH	7.64 ± 0.16	8.82 ± 0.33	8.44 ± 0.22	8.01 ± 0.13	7.93 ± 0.01	8.17 ± 0.13
叶绿素 a Chlorophyll-a CHL/(μg/L)	12.85 ± 3.30	14.21 ± 1.73	1.40 ± 0.30	4.53 ± 0.93	6.51 ± 0.08	2.82 ± 0.83
溶解氧 Dissolved oxygen DO/(mg/L)	4.83 ± 1.24	7.59 ± 0.33	7.65 ± 0.58	3.60 ± 0.64	3.75 ± 0.11	4.10 ± 0.13
氯离子 Cl^- /(mg/L)	150.60 ± 7.85	40.90 ± 4.33	329.30 ± 22.80	577.70 ± 50.00	513.00 ± 1.41	494.90 ± 0.21
蓝绿藻 Cyanobacteria PCY/(cell/mL)	1182 ± 155.91	1318 ± 18.48	523 ± 65.50	326 ± 3.53	1412 ± 30.64	84 ± 14.8
盐度 Sal/(ng/L)	0.37 ± 0.03	0.46 ± 0.03	0.42 ± 0.02	0.39 ± 0.09	0.39 ± 0.02	0.40 ± 0.01
总悬浮固体 Total dissolved solid TDS/(g/L)	0.4573 ± 0.04	0.5025 ± 0.0128	0.5148 ± 0.0125	0.4858 ± 0.0092	0.4833 ± 0.0197	0.4927 ± 0.0125
电导系数 Specific conductance SPC/(ms/cm)	709.30 ± 52.04	784.70 ± 0.92	804.90 ± 30.23	758.50 ± 15.25	755.70 ± 6.43	769.60 ± 19.39
氧化还原电位 Oxidation-reduction potential ORP/mV	282.00 ± 23.86	340 ± 13.86	380 ± 8.50	653 ± 24.82	711 ± 10.60	708 ± 7.93
化学需氧量 Chemical oxygen demand COD/(mg/L)	29.7 ± 7.8	15.9 ± 2.19	40.9 ± 2.44	45.6 ± 1.00	78.7 ± 4.56	29.3 ± 0.64
总磷 Total phosphorus TP/(mg/L)	0.09 ± 0.01	0.04 ± 0.01	0.01 ± 0.01	0.25 ± 0.00	0.27 ± 0.02	0.24 ± 0.01
总氮 Total nitrogen TN/(mg/L)	1.32 ± 0.33	3.89 ± 0.08	1.63 ± 0.06	5.05 ± 0.05	5.48 ± 0.24	4.05 ± 0.19
铵根离子 NH_4^+ /(mg/L)	0.09 ± 0.01	0.1 ± 0.0	0.11 ± 0.01	0.29 ± 0.03	0.38 ± 0.04	0.87 ± 0.03
硝酸根离子 NO_3^- /(mg/L)	0.36 ± 0.07	2.63 ± 0.11	1.00 ± 0.04	1.29 ± 0.12	1.77 ± 0.16	1.06 ± 0.04

SRW; summer reclaimed water; SCW; summer cycling water; SOP; summer oxidation ponds; ARW; autumn reclaimed water; ACW; autumn cycling water; AOP; autumn oxidation ponds

2.2 根结合菌细菌培养、计数、分离纯化

将新鲜表面附着基质的芦苇根系置于震荡仪震荡去除表面附着物, 取表面清洗干净的芦苇根系 1 g, 再用无菌水清洗 3 次, 无菌滤纸吸取多余水分, 置于灭菌研钵内, 加入少量无菌石英砂及少量无菌水研磨后定容 100 mL。此液体依次稀释涂板, 采用 LB 培养基培养, 每梯度 3 个平行, 在 30 ℃ 条件下倒置培养 48 h, 记录菌落数目, 计算可培养细菌的平均数目。选择菌落数在 30—300 范围的稀释度平板, 将所有单菌落分别转接划线 LB 培养基平板上, 分离纯化。

2.3 扩增 16S rDNA 限制性分析

2.3.1 PCR 模板制备

用无菌牙签挑取少量已纯化的菌体重悬于 20 μL 无菌 ddH₂O 中, 置于沸水浴中煮沸 10 min, 立即置于冰上 5 min, 4 ℃, 10000 rpm 离心 5 min, 置于冰上, 使用时取 2.0 μL 上清液做模板^[23-24]。

2.3.2 16S rDNA 扩增

采用细菌通用引物 765f: 5'-GGAGCAACAGGATTGATA-3', 和 1492r: 5'-GGTTACCTTGTACGACTT-3'^[25] 对细菌 DNA 进行扩增。25 μL 扩增体系包含: 12.5 μL 2×Taq PCR Master Mix (天根生化科技有限公司, KT201-12), 1 μL 10 μmol/L 引物 765f 和 1 μL 10 μmol/L 1492r (生工生物工程(上海)有限公司), 2 μL DNA 模板, 8.5 μL 无菌水。PCR 反应程序 94 ℃, 5 min; 30 个循环包括 94 ℃, 30 s, 55 ℃, 1 min, 72 ℃, 1 min; 72 ℃

延伸 10 min; 4 °C 保存。1.0% 的琼脂糖凝胶检测 PCR 产物。

2.3.3 扩增片段酶切分型

用限制性内切酶 *Hae*III 对 PCR 产物酶切, 10 μL 酶切体系: 5 μL PCR 产物, 0.3 μL *Hae*III (10 U/μL), 1 μL 10×buffer, 3.7 μL 双蒸水。37 °C 反应 4 h。酶切产物用 2.0% 琼脂糖凝胶电泳, 1×TAE 电泳缓冲液, 100 V 电泳 60 min。比较分析酶切电泳图谱。

2.4 统计数据分析

据酶切图谱信息, 将酶切图谱完全一致的菌落划分为 1 个操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU)^[26], 据此估计样品中存在的最低限度的细菌数目, 并运用 SPSS18.0 将菌落聚类。依此分类分析细菌群落结构及多样性分析。利用 Shannon-Weaver 指数 (H') 评价细菌群落综合多样性, 以 EI 计算均匀度指数, 以 Margale 指数 (D') 评价群落丰富度。CCA 排序图由 Canoco for Windows 4.5 和 TWINSPAN 软件包共同完成, 其余图表由 Microsoft Excel 2007 完成。多样性评价指数计算公式如下:

$$H' = - \sum_{i=1}^s p_i \ln p_i ; EI = \frac{H'}{\ln N} ; D' = \frac{S-1}{\ln N}$$

式中, $P_i = n_i/N$, S 是图谱的分类数, n_i 是第 i 类包含的图谱, N 为总图谱数。

3 结果与分析

3.1 细菌群落密度分析

人工湿地微生物群落密度与污水净化效率具有密切关系, 微生物数量与污染物去除率呈正相关^[14,20,27]。群落密度分析结果见表 2, 从季节变异看, 夏季芦苇根结合微生物群落密度较秋季增加 76.37%—96.70%, 具有明显的季节效应。从湿地类型差异来看, 再生水和循环水经复合垂直流人工湿地处理进入氧化塘后, 微生物群落密度减少。从补水水质差异看, 再生水处理区微生物群落密度高于循环水处理区, 夏秋两季在不同功能区表现出相同的分布格局。为进一步分析环境因子对芦苇根结合细菌群落密度的影响, 采用 spearman 秩相关系数分析(表 4)水环境因子对群落密度的影响, 结果显示净化系统水体 NH_4^+ 浓度 ($0.934^{**}, P < 0.001$) 和 ORP ($0.886^*, P < 0.005$) 与群落密度显著相关, 是影响细菌密度时空差异的主要因素。

表 2 芦苇根结合细菌群落密度

Table 2 Community density of the different water treatment units

微生物群落密度 ($\times 10^7 \text{ CFU/g}$)	复合垂直流湿地		氧化塘 Oxidation pond
	再生水区 Reclaimed water	循环水区 Cycling water	
夏季 Summer	29.900 ± 6.700	3.280 ± 0.624	0.923 ± 0.170
秋季 Autumn	0.925 ± 0.335	0.775 ± 0.176	0.148 ± 0.023

3.2 芦苇根结合细菌群落结构的时空变异分析

通过聚类分析, 将获得 138 株分离物划分为 29 个 OTUs, 每个 OTUs 至少代表一种细菌, 表明研究区至少分布 29 种不同细菌(图 2)。其中, 16 个 OTUs 属于夏季, 14 个 OTUs 属于秋季, OTU₂₈ 是夏秋两季唯一的共有 OTU, 该类群从夏季优势类群过渡为秋季偶见类群。夏季 16 个 OTUs 中, 11 个 OTUs 属于再生水处理区, 8 个 OTUs 属于循环水处理区, 4 个 OTUs 属于氧化塘, 其中 OTU₁, OTU₂₈ 是夏季 3 个功能区共有类群, OTU₁ 从再生水处理区和循环水处理区的优势类群过渡为氧化塘的非优势类群, OTU₂₈ 从再生水区和氧化塘的优势类群过渡为循环水区的偶见类群。11 个 OTUs 属于各功能区特有 OTU, 特有 OTU 均为非优势类群或偶见类群, 其中 8 个 OTUs 属于再生水处理区, 3 个 OTUs 属于循环水处理区。秋季 14 个 OTUs 中,

6 个 OTUs 属于再生水处理区, 5 个 OTUs 属于循环水处理区, 10 个 OTUs 属于氧化塘, 其中, OTU₁₂, OTU₁₈ 是秋季 3 个功能区的共有类群, OTU₁₂ 从再生水处理区和循环水处理区的偶见类群过渡为氧化塘的非优势类群, OTU₁₈ 是秋季 3 个功能区的共有优势类群。9 个 OTUs 属于各功能区特有 OTU, 特有 OTU 均为非优势类群

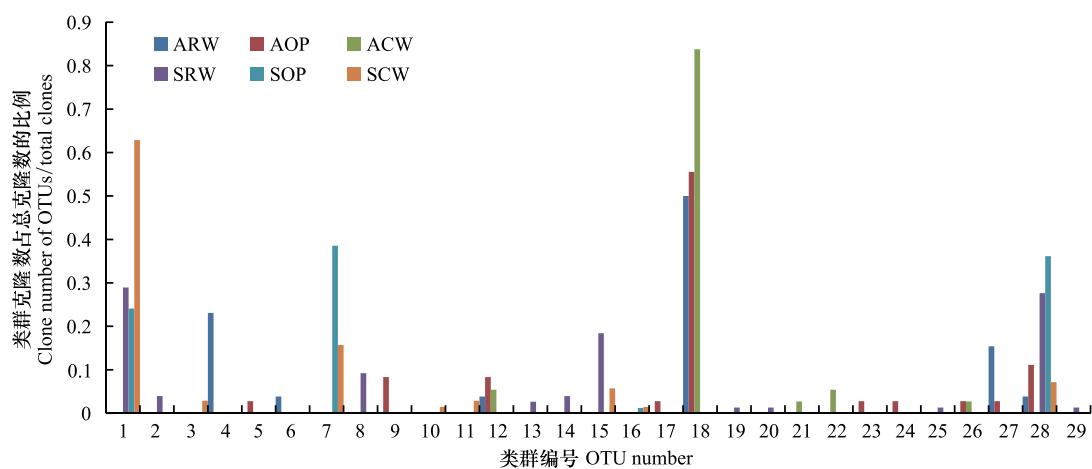


图2 不同OTUs分离菌株在总分离菌株中的分布

Fig. 2 Bacterial number distribution of OTUs in all bacterial number

SRW: 夏季再生水区; SCW: 夏季循环水区; SOP: 夏季氧化塘; ARW: 秋季再生水区; ACW: 秋季循环水区; AOP: 秋季氧化塘

或偶见类群,其中2个OTUs属于再生水处理区,2个OTUs属于循环水处理区,5个OTUs属于氧化塘。可见季节动态对微生物种群类型分布的响应体现在夏秋两季微生物丰富度差别不大,但夏季群落均匀性高于秋季,及共优种比例增高,优势种群类型改变。

根据单个OTUs包含菌株与该样品中总菌株数的比例,对菌株情况进行了统计(表3)。季节动态对芦苇根结合好气细菌群落结构影响主要体现在:其一,夏季较秋季优势类群、非优势类群及偶见类群3大类群的OTU类型多样化;其二,夏季较秋季偶见类群数量百分比呈下降趋势。芦苇根结合好气细菌群落结构空间差异夏季体现为:其一,复合垂直流人工湿地(再生水处理区、循环水处理区)较氧化塘非优势类群和偶见类群类型多样化;其二,复合垂直流人工湿地(再生水处理区、循环水处理区)较氧化塘非优势类群及偶见类群数量百分比增加,其三,不同功能区之间优势类群差异增大,再生水处理区为OTU₁和OTU₂₈,循环水处理区为OTU₁,氧化塘为OTU₇和OTU₂₈。三者共同作用导致复合垂直流人工湿地丰富度及均匀度均增高。芦苇根结合好气细菌群落结构空间差异秋季体现为:其一,氧化塘较复合垂直流人工湿地丰富度增高,均匀度变化规律不明显;其二,不同功能区之间优势类群趋于一致,均为OTU₁₈。综合不同OTUs分离菌株在总分离菌株中的分布及细菌群落结构统计分析结果,多样化的类型及其较低频次的偶见类群共同作用使得夏季较秋季微生物群落结构的丰富度及均匀度均呈现升高趋势。共有的优势类群多度降低,特有的偶见类群增加,同时偶见类群的多度减少。偶见种类群增加主要体现在特有种类群增多。

表3 净化系统可培养芦苇根结合细菌群落结构的时空差异

Table 3 Spatial variability of bacterial community structure in reclaimed water management system

群落组成 Community composition	夏季 再生水区 SRW		夏季 循环水区 SCW		夏季 氧化塘区 SOP		秋季 再生水区 ARW		秋季 循环水区 ACW		秋季 氧化塘区 AOP	
	分类数/OTU	菌落数/CFU										
优势类群 Dominant species	2	22/21	1	44	2	32/30	1	13	1	31	1	20
		数量百分比/%	56.6	62.9	74.7	50		83.8				55.6
非优势类群 Not dominant species	4	27	3	20	1	20	2	10	0	0	0	3
		数量百分比/%	35.5	28.6	24.1	38.5		0				10
偶见类群 Rare species	5	6	4	6	1	1	3	3	4	6	6	6
		数量百分比/%	7.9	8.6	1.2	11.5		16.2				16.7

为解释水质变量对群落结构分布格局的影响,采用 Spearman 秩相关分析群落组成类群的数量百分比与主要水质指标之间的关系。结果如表 4,优势类群所占百分比与 PCY 浓度相关($r=0.771^*$, $P<0.05$),偶见类群所占百分比与 ORP($r=0.771^*$, $P<0.05$)、TP($r=0.771^*$, $P<0.01$)、TN($r=0.771^*$, $P<0.05$)、NH₄⁺($r=0.829^*$, $P<0.05$)相关。相关分析结果表明细菌优势类群是水质净化的主要贡献者,优势类群对消除水体富营养化起重要作用,与水体富营养化紧密相关。在一定条件下,细菌群落优势类群百分比随水体 PCY 浓度增高而增加。细菌偶见类群一般因环境扰动导致新物种的产生或者已存物种的消亡而出现,湿地水体营养水平及氧化还原环境的改变是偶见类群出现的扰动因素,其改变导致新的适应性类群出现及非偶见类群数量减少,与偶见类群紧密相关。

表 4 水质指标与芦苇根结合细菌群落特征的相关性分析

Table 4 Correlation analysis of Water quality and bacterial community characteristics

相关系数 Spearman correlation coefficient	群落密度 Species density	优势类群 Dominant OTUs	非优势类群 Not dominan OTUs	偶见类群 Rare OTUs	相关系数 Spearman correlation coefficient	群落密度 Species density	优势类群 Dominant OTUs	非优势类群 Not dominant OTUs	偶见类群 Rare OTUs
pH	-0.143	0.086	-0.143	-0.143	SPC	-0.257	0.143	-0.257	-0.257
CHL	0.657	0.086	0.314	-0.029	ORP	-0.886 ^{**}	0.143	-0.543	0.771 [*]
DO	0.257	0.429	-0.257	-0.714	COD	-0.257	0.257	-0.257	0.086
Cl ⁻	-0.543	-0.257	-0.029	0.543	TP	-0.371	-0.143	-0.029	0.771 [*]
PCY	0.314	0.771 [*]	-0.371	-0.200	TN	-0.600	0.029	-0.257	0.771 [*]
Sal	-0.203	0.232	-0.290	-0.116	NH ₄ ⁺	-0.943 ^{**}	-0.086	-0.429	0.829 [*]
TDS	-0.257	0.143	-0.257	-0.257	NO ₃ ⁻	-0.143	0.200	-0.143	0.429

3.3 芦苇根结合细菌群落多样性分析

采用多样性指数进一步分析芦苇根结合细菌群落的时空变异,分析结果见表 5。其中,Shannon-Weaver 指数受群落物种丰富度影响较大,Margale 指数反映群落物种丰富度,均匀度指数反应群落物种均匀性大小。从表中可以看出,夏季较秋季复合垂直流人工湿地好气芦苇根结合细菌群落 Shannon-Weaver 指数、丰富度指数显著增高,均匀度指数变化不大,氧化塘区好气细菌群落均匀度指数增加,Shannon-Weaver 指数及 Margale 指数均减少,复合垂直流人工湿地与氧化塘细菌多样性具不同的季节差异。夏季再生水净化系统中,再生水处理区具最高 Shannon-Weaver 指数、Margale 指数,氧化塘区 Shannon-Weaver 指数、Margale 指数处于最低水平,但是在秋季再生水净化系统中氧化塘区具最高 Shannon-Weaver 指数、Margale 指数,循环水区 Shannon-Weaver 指数、Margale 指数具最低水平。总的来看,氧化塘细菌群落多样性受季节动态影响最小,而复合垂直流人工湿地细菌群落多样性季节变异较大。再生水处理区较循环水处理区夏秋两季细菌群落多样,丰富度及均匀性均增高。

表 5 秋夏两季可培养芦苇根结合细菌多样性分析

Table 5 Diversity of bacterial community of three water treatment units and two seasons

多样性指数 Diversity index	夏季再生水区 SRW	夏季循环水区 SCW	夏季氧化塘区 SOP	秋季再生水区 ARW	秋季循环水区 ACW	秋季氧化塘区 AOP
Shannon-Weaver 指数 Shannon-Weave index	1.824	1.259	1.131	1.349	0.659	1.483
Margale 指数 Margale index	2.309	1.648	0.679	1.535	1.108	2.232
均匀度指数 Evenness index	0.761	0.606	0.816	0.753	0.409	0.675

3.4 CCA 排序分析

为进一步分析再生水湿地净化系统细菌群落结构与水质参数响应关系,结合运用典范对应分析(CCA)排序法和双向指示种分类法(TWINSPAN),分析夏秋两季细菌群落结构特征及其成因。以 6 样方内 29 个

OTUs 在群落中权重组成的物种矩阵和 12 种环境参数组成的环境变量矩阵为基础数据, 应用 CCA 排序, 得到样方、物种、环境因子相互关系的二维排序图, 并应用 TWINSPLAN 将 29 个 OTUs 分为 7 类(图 3)。排序结果表明, CCA 排序图第一轴 AX1 和第二轴 AX2 的特征值累计占总特征值的 65.06%, 排序图包含了大部分的信息, 排序效果良好。在 CCA 排序图中, 物种用三角形符号表示, 物种之间夹角余弦值越大表示它们越相关。样方点用圆圈表示, 样方之间的距离越近则表示样方间越相似。各环境因子用箭头表示, 箭头的长短表示某个环境因子与种群分布相关性的大小, 线越长, 说明相关性越大, 反之则小。从图 5 箭头的连线长度可以看出, 选取的 12 个与氮污染相关的水环境变量对芦苇根结合好气细菌群落结构空间分布状况都有一定程度的影响, 其中, TDS、pH 值、DO、Sal、TP、ORP 对好气细菌群落结构时空分布影响较大, TN 较 NH_4^+ 、 NO_3^- 对群落结构时空变异贡献率高。箭头方向表示环境变量之间或者环境变量与排序轴的关系, 夹角越小, 相关性越大^[16], 其中 NH_4^+ 、TN、ORP、TP 与第 1 轴关系密切, NO_3^- 、TDS、pH 值、Sal 与第 2 轴密切相关。

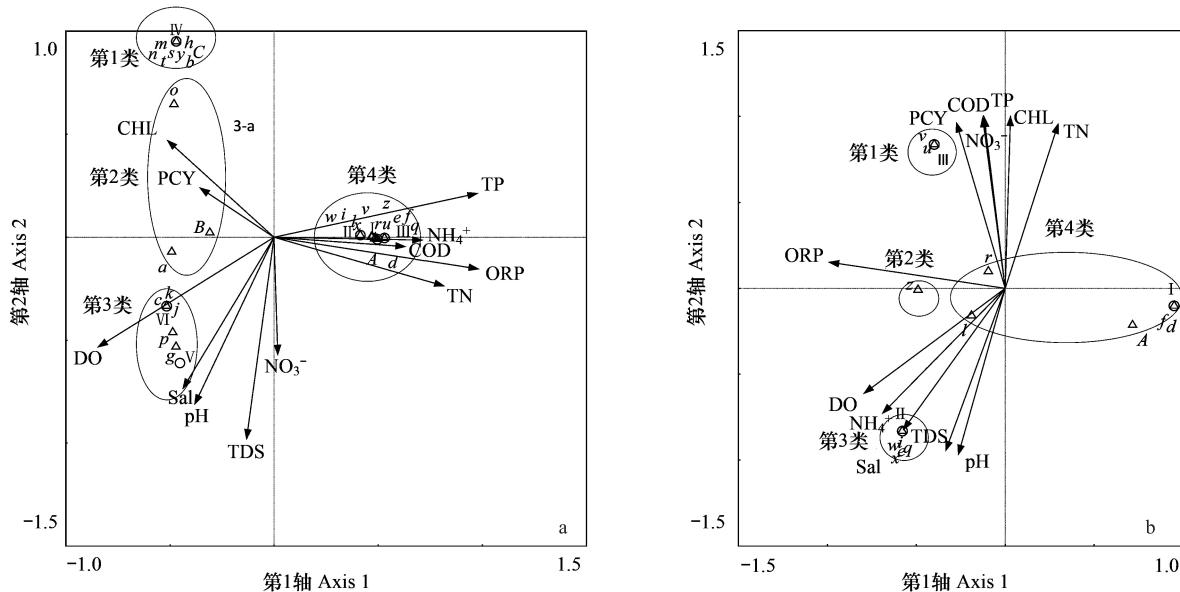


图 3 29 OTUs 的 CCA 双轴排序图, 其中 a 为夏秋两季物种与环境因子的 CCA 排序图, b 是对 a 图中第 4 类的放大, 是秋季特有物种与水质的 CCA 排序图

Fig. 3 Bi-plot (species and environmental variables) of CCA for summer and autumn survey on bacterial diversity in reclaimed water purification system (a), Bi-plot (species and environmental variables) of CCA for autumn survey on diversity of unique bacteria, which is the additional information of (b)

字母, 如 a 或 A, 代表操作分类单元; 罗马数字, 如 I, 代表样方编号; 第#类, 如第 1 类, 代表 TWINSPLAN 对物种分类

依据 TWINSPLAN 对物种分类结果, 将图 3 中 29 OTUs 圈为 4 类, 其中夏季分为三类, 分别是: 如图第 1 类, 包含 IV (SRW) 样方的偶见类群及部分非优势类群; 第 2 类, 包含 IV、V (SRW、SCW) 样方共有种群, 且为优势种或非优势种; 第 3 类, 包含 V、VI (SCW、SOP) 样方的共有种及 V 样方的独有种, 秋季分为一类, 即第 4 类, 第 4 类包括秋季特有类群。图 3 中第 2 类临近排序中心, 在净化系统中具相对稳定丰度, 这些类群对环境适应性较强, 生态幅比较广泛, 在湿地物质和能量代谢中发挥重要作用, 如, OTU₂₈ (B) 在夏季 3 个功能区均出现, 为夏季再生水处理区优势种, 是水质净化的重要类群, 第 1 类远离排序中心, 均为夏季再生水处理区独有种, 易受环境因子影响, 较少频率出现于再生水净化系统中, 对水体净化不起主要作用。夏季种群沿第 2 轴分散分布于第 1 轴的负半轴, 而秋季种群集中分布于第 1 轴的正半轴, 细菌群落结构具显著季节差异。从图 3 还可以看出, NH_4^+ 、TN、ORP、TP 是导致净化系统可培养细菌群落季节演替的主要水质变量, NO_3^- 、TDS、pH、Sal 是导致夏季可培养细菌群落结构空间演替的主要因素。第 2 类, 包括优势类群 OTU₁ (a) OTU₂₈ (B) 与 PCY 和 CHL 密切相关, 对水体富营养化去除其主要作用类群。第 3 类, 包括样方 SOP 优势类群 OTU₇ (g) 及样方 SCW

偶见类群 OTU₃(c)、OTU₁₀(j)、OTU₁₁(k)、OTU₁₆(p)与 DO 具有密切的关系,DO 是改善湿地氧化还原环境的重要环境因子,氧化塘与复合垂直流湿地基质中具不同氧气分布特征,导致各区细菌群落结构发生显著改变。第1类与测定的水体富营养化环境因子不具显著关系,说明再生水特有的性质影响了该区根结合细菌群落的偶见类群的分布格局,需要进一步结合细菌测序结果分析。从图3可以看出,秋季各样点及芦苇根结合可培养细菌群落结构梯度排序是各水质变量共同作用的结果,这与秋季各处理区净化效率降低,各功能区优势类群趋于一致有紧密联系。结合分类结果可以看出,第2类和第4类类群具相对较高丰度,受环境因子影响较小,如,O(r)是秋季净化系统3个功能区共有优势种,OTU₁₂(l)在秋季净化系统3个功能区中均有出现,但其与水体富营养化环境因子不具密切关系,这说明秋季优势类群的水质净化作用较小。第1类较偏好高 TN、TP 浓度,第3类较偏好高 DO、NH₄⁺、Sal 浓度,这两类与水体富营养化环境因子密切相关,但这些类群不占优势。

4 讨论与结论

大量研究表明微生物在人工湿地中起核心作用,研究湿地微生物多样性的技术方法很多,而培养法只记录适合在培养基上生长的微生物群落,该法只能反映自然环境少部分的微生物,不能全面反映湿地中细菌群落的真实情况。但是,培养法的优势在于利用不同的培养基,可以选择性的反映湿地中对不同资源具较强利用能力的微生物群落^[20]。如本研究中利用 LB 培养基分离的细菌可以反映对再生水中氮素如蛋白质、多肽、氨基酸、尿素等及有机碳具较强分解能力的细菌类群^[28-29],是修复水体富营养化的优势类群,分析其时空变异规律及其与水富营养化因子的关系,对于再生水补水湿地水生态修复机制具有重要的意义。

4.1 净化系统可培养芦苇根结合细菌群落特征及多样性时空差异

微生物与环境因子之间有密切的响应关系,许多研究表明微生物群落结构特征是微生物群落与环境因子长期响应的结果,受植物生长状况和代谢活动、气候季节变化、污水处理工艺、污水水体水质状况等多种因素影响,基于多因子共同作用微生物群落结构及多样性呈现差异^[28,30]。

(1) 净化系统芦苇根结合好气细菌群落密度、群落组成特征、群落多样性均表现出显著的季节差异。夏季较秋季净化系统芦苇根结合好气细菌群落密度增加,这与夏季较秋季净化系统细菌群落优势类群百分比增大,非优势类群及偶见类群百分比减少相关。夏季较秋季复合垂直流人工湿地细菌群落多样性、丰富度、均匀度一致呈现增大趋势,这与夏季较秋季该类型人工湿地细菌群落优势类群、非优势类群和偶见类群种类数均增加密切相关。Florent Chazarenc 等采用 Biolog Ecoplate 的方法对人工湿地微生物群落时空差异进行分析,结果表明季节动态是影响微生物群落多样性最主要因素之一^[15]。高程等对北京城区不同水体可培养细菌的研究表明夏季细菌数量高于秋季^[20]。王晓丹等同时采用用 LB 固体培养基培养法和 PCR-DGGE 技术对密云水库细菌群落结构进行研究,结果表明季节差异导致群落结构发生改变^[28]。陆开宏等通过对富营养水体植物根际微生物群落特征分析发现因季节差异,植物的生长状况及代谢改变,植物根际微生物群落结构出现差异,并影响水体污染物的去除效率^[30]。由前人研究可知,在湿地生态系统或水体生态系统中,采用培养法或非培养法,细菌群落结构研究结果均表明细菌群落受季节影响,具明显的季节效应。在再生水湿地净化系统中,夏季向秋季的季节转变不仅降低了净化系统细菌生长温度,影响了细菌生长繁殖及活性,而且导致湿地芦苇枯萎凋零,植物功能减弱,根系分泌物质能力、泌氧功能降低,植物-微生物的互作去污作用降低,依托于植物、微生物、基质共同作用净化水质的人工湿地生态功能受到影响,水质净化效率降低,进一步促使水体有机负荷及污染物的积累,水质恶化,细菌密度及多样性降低,群落结构产生差异^[31-32]。

(2) 净化系统芦苇根结合可培养细菌群落密度、细菌群落构成特征、群落多样性均表现出显著的空间差异。夏季各处理区群落结构差异明显高于秋季,夏季净化系统空间差异具体表现为复合垂直流湿地较氧化塘好气细菌群落密度、多样性、丰富度增加,均匀度减少,这与复合垂直流湿地非优势类群和偶见类群类型、数量百分比增加相关;再生水处理区较循环水处理区可培养细菌群落密度、多样性、丰富度、均匀度增加,这与再生水净化区优势类群、非优势类群类型增加,非优势类群数量百分比增加,偶见类群量百分比减少相关。秋季净化系统空间分布特征具体表现为:3个不同功能区具有相同优势类群,但3个功能区优势类群百分比呈现显

著差异,而偶见类群百分比在3各功能区具有趋同效应;复合垂直流湿地较氧化塘细菌群落多样性及丰富度均减少,均匀度变化规律不明显,这与复合垂直流湿地非优势类群、偶见类群类型减少相关;再生水处理区较循环水处理区可培养细菌群落密度、多样性、丰富度、均匀度增加,这与再生水处理区非优势类群类型数、百分比数均增加相关,夏秋两季分析结果一致表明再生水处理区具最高的群落密度和细菌群落多样性。前人研究表明湿地微生物数量与其净化功能之间存在显著关系,微生物数量越多污染物的去除效率越高^[27]。魏成等研究表明提高湿地系统的多样性对提高湿地系统的净化效率和效率的稳定性具重要意义^[14]。湿地工艺流程与其净化功能之间同样存在显著关系,复合垂直流人工湿地特殊结构及进水类型有利于水体营养及溶解氧分布、好养-厌氧-好养功能层形成,有利于微生物生长繁殖及活性,促进复杂有机物、氮、磷去除,提高污水净化效率^[33]。其次,进水水质的差异是影响微生物及其净化功能的主要因素,再生水中丰富的氮、磷等营养元素利于微生物数量增加,并改变微生物群落结构及其多样性^[23]。本研究中,复合垂直流湿地先进工艺特征及再生水特殊水质是影响再生水补水湿地系统中不同处理区微生物群落结构差异的主要原因。

4.2 净化系统芦苇根结合可培养细菌群落结构与水环境的相互关系

据文献,细菌群落结构与水质之间的关系还没有明确定论,研究方法也多采用相关性分析法。已有相关研究表明水质状况对微生物群落产生重要影响的同时微生物适应环境并改变水体环境,微生物群落多样性呈现出与水环境质量协同变化的特征^[34]。梁威等的研究发现湿地微生物活动是污水中TN及COD的主要去除途径^[27],其随后研究表明污水中BOD的去除率与复合垂直流湿地细菌总数显著相关^[35]。CCA和TWINSPAN是两种具有很强解释能力的多元统计方法,它们生态学中成功运用,已被认为是最有效的群落定量分析方法^[36]。近年来有学者尝试将CCA排序和多元回归结合,这为分析微生物群落物种对水质变量的联合反应提供了通用框架。YAN等采用CCA分析了污水处理厂微生物群落结构的季节演替,结果表明COD、NH₄⁺、KN、C/N/P值是重要的微生物生长限制因子,DO是微生物群落演替的关键因子^[16]。Shiah & Ducklow通过对细菌群落构成的控制研究揭示出温度是冬季、秋季、春季的细菌群落结构的控制因子,而无机营养限制及基质是夏季细菌群落结构的控制因子^[37]。另一些研究,包括一个中型实验,也支持同样的观点,认为有机碳、无机营养是夏季细菌群落的重要限制因子^[38-39]。微生物的呼吸作用和发酵过程是有机污染物的重要去除机制,其去除过程依赖于湿地氧化还原条件,高ORP为微生物提供氧化环境,有利于好养过程,如硝化作用、有机碳的降解,相反,低ORP提供还原环境,有利于厌氧过程,如硫酸盐降解、甲烷化。

本研究分析结果表明净化系统芦苇根结合好气细菌群落密度与水体NH₄⁺浓度及ORP相关,群落构成与水体PCY、TP、TN和NH₄⁺浓度及ORP相关,ORP是DO、有机物和含氮污染物三者氧化还原性的综合体现,广泛的ORP范围有利于多种污染物的去除^[8],NH₄⁺是好养微生物通过氨化作用对水体有机氮降解的产物。夏季净化系统较秋季因具较高的细菌群落密度,群落多样性,净化效率提高,对有机物的去除效率提高,虽然夏季较秋季水体具较高的DO浓度,但较秋季ORP依然处于较低水平,这也是ORP与可培养细菌群落密度负相关的原因,较高的DO浓度有利于细菌的氨化作用,这是夏季较秋季水体具低水平COD、TDS及TN,同时NH₄⁺与好气细菌群落密度正相关的原因。PCY浓度是水体富营养化的重要水质指标,其生长繁殖需要充足的营养和优越的物理条件^[40],PCY浓度与优势种百分比相关,说明优势种对消除水体富营养化,对去除氮污染起主要作用,ORP及氮磷含量及N/P比值改变导致偶见种类型改变,改变好气细菌群落种群丰富度。因此ORP、NH₄⁺浓度既影响好气微生物群落数量,同时改变微生物群落结构。由CCA分析表明NH₄⁺、COD、ORP、TP是芦苇可培养根结合细菌群落结构季节差异的驱动因子。在驱动因子中,NH₄⁺、ORP、TP与好气细菌偶见种百分比相关,说明该湿地净化系统细菌群落季节差异不仅体现在优势种群的改变上,同时体现在偶见种群的多少上,偶见种群的百分比与湿地净化系统的稳定性及净化效率密切相关。而这种微生物群落群落结构季节差异很大程度上可以由夏秋植物生长状况及代谢活动不同,微生物生长繁殖及活性不同来解释。在夏季,芦苇生长状况良好,根系的泌氧功能有利于根际氧化还原电位提高,碳(COD)、氮(NH₄⁺)、磷(TP)及高氧化还原电位促进微生物生长繁殖及活性,细菌群落度增加,促进水体净化,湿地系统净化效率提高。在夏季湿地较

高净化效率的基础之上,功能区间水质差异增大,微生物群落结构空间差异增大,在排序图中夏季种群分散分布;相反,在秋季,微生物活动减弱,植物枯萎,水体碳氮磷浓度增加,氧化还原电位降低,高有机负荷抑制微生物生长及活性^[31-32],细菌群落密度减少,湿地净化系统净化效率降低,好气细菌群落结构空间差异不明显,在排序图中秋季种群集中分布。本研究结果表明水质变量 TDS、pH 值、Sal 是导致夏季好气细菌群落结构空间差异的主要水质变量。SRW 较 SCW 和 SOP 具较低 TDS、pH 值、Sal 水平,在 SCW 和 SOP 细菌群落更偏好于较高 TDS、Sal 浓度及较高 pH 值。而在 SRW,细菌群落与富营养化程度相关。这可能与湿地功能分布相关。

据酶切分类结果,分别于 29 OTUs 中随机选取分离物进行 16s rDNA 序列测定,同源性比对表明:夏季净化系统中优势好气细菌为葡萄球属 (*Staphylococcus*)、肠杆菌属 (*Enterobacteriaceae*),微小杆菌属 (*Exiguobacterium*) 和芽孢杆菌属 (*Bacillus*.) ,气单胞菌属 (*Aeromonas*),其中气单胞菌属分布于夏季净化系统各功能区中。秋季人工湿地净化系统主要好气细菌为假单胞菌属 (*Pseudomonas*),黄单胞菌属 (*Xanthomonadaceae*),芽孢杆菌属 (*Bacillus*),其中假单胞菌属为 3 个处理区共有的优势种。据已有报道称,气单胞菌在湿地系统氮循环过程中起重要作用,其生长受铵离子、氮、磷浓度影响明显^[41],具有将 NO₃⁻ 转化为 NO₂⁻ 的能力^[42],肠杆菌耐污能力强,具固氮能力,并抗植物病原体,同时在磷循环中起重要作用^[10]。葡萄球属细菌多为机会致病病原菌,对固氮菌有协同促进作用^[43]。秋季主要细菌种类:假单胞菌属,芽孢杆菌属,及黄单胞菌属,这几种菌属的微生物生长快速,其中假单胞菌被频繁的从湿地植物根系周围分离到,不仅以碳氢化合物为营养来源,在去除碳源污染方面起主要作用,还是氨化细菌的优势菌属,具很好地去除有机氮的效果,芽孢杆菌对大分子结构的有机物具破坏作用,有效促进有机物的分解^[44]。总之,芦苇根结合菌促进了水体净化过程中的植物修复作用,尤其在氮磷循环及碳化合物降解去除方面。但是,限于培养法不能直接的反映芦苇根结合菌的全部信息,结合非培养方法分析奥林匹克公园再生水净化湿地芦苇根结合菌对水体净化的机制原理是下一步的工作重点。

References:

- [1] Zhou L B, Han L B, Su D R. Advance in research on application of reclaimed water for turf-grass irrigation. *Water Saving Irrigation*. Water Saving Irrigation, 2004, 5(1) : 17-20.
- [2] Guo X Y, Gong H L, Zhao W J. Effects of recycled water irrigation on bacterial community compositions in lawn soil. *Acta Microbiologica Sinica*, 2010, 50(11) : 1519-1524.
- [3] Yang H, Abbaspour K C. Analysis of wastewater reuse potential in Beijing. *Desalination*, 2007, 212(1/3) : 238-250.
- [4] Wen J. Beijing water authority issued the 12th Five-Year Plan about reclaimed water. China News Service, 2011-01-28. <http://www.chinanews.com/ny/2011/01-28/2817700.shtml>.
- [5] Zhu J N, Wang X D, Zhai Z H, Ma W L, Li R Q, Wang X L, Li Y H. Changes of bacterial community structure on reusing domestic sewage of daoxianghujing hotel to landscape water. *Environmental Science*, 2010, 31(5) : 1299-1306.
- [6] Zhao S M, Hu N, Chen Z J, Zhao B, Liang Y X. Bioremediation of reclaimed wastewater used as landscape water by using the denitrifying bacterium *Bacillus cereus*. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 2009, 83(3) : 337-340.
- [7] Thurston J A, Gerba C P, Foster K E, Karpiscak M M, Gerba C P. Fate of indicator microorganisms, *giardia* and *cryptosporidium* in subsurface flow constructed wetlands. *Water Research*, 2001, 35(6) : 1547-1551.
- [8] Faulwetter J L, Gagno V, Sundberg C, Chazarenc F, Burr M D, Brisson J, Camper A K, Stein O R. Microbial processes influencing performance of treatment wetlands: a review. *Ecological Engineering*, 2009, 35(6) : 987-1004.
- [9] Kennedy A C. Rhizosphere//Sylvia D M, Hartel P G, Fuhrman J J, and Zuberer Z A, eds. *Principals and Applications of Soil Microbiology*. Upper Saddle River: Pearson Prentice Hall Publishing, 2005 : 309-407.
- [10] Li Y H, Zhu J N, Zhai Z H. Endophytic bacterial diversity in roots of *Phragmites australis* in constructed Beijing Cuihu Wetland (China). *FEMS Microbiology Letters*, 2010, 309(1) : 84-93.
- [11] Li Y H, Liu Y F, Liu Y, Zhu J N, Zhang Q. Endophytic bacterial diversity in roots of *Typha angustifolia* L. in the constructed Beijing Cuihu Wetland (China). *Research in Microbiology*, 2011, 162(2) : 124-131.
- [12] Mustafa A, Scholz M. Characterization of microbial communities transforming and removing nitrogen in wetlands. *Wetlands*, 2011, 31(3) : 583-592.

- [13] Ravit B, Ehrenfeld J G, Haeggblom M M, Bartels M. The effects of drainage and nitrogen enrichment on *Phragmites australis*, *Spartina alterniflora*, and their root-associated microbial communities. *Wetlands*, 2007, 27(4): 915-927.
- [14] Wei C, Liu P. Relationship between wastewater purification and diversity of rhizosphere microorganism in the constructed wetland. *Journal of Agro-Environment Science*, 2008, 27(6): 2401-2406.
- [15] Chazarenc F, Brisson J, Merlin G. Seasonal and spatial changes of microorganism communities in constructed wetlands: a community level physiological profiling analysis. *International Journal of Chemical Engineering*, 2010, doi: 10.1155/2010/490240.
- [16] Yan Q M, Zhang X X, Zhang T, Fang H H P. Seasonal microbial community shift in a saline sewage treatment plant. *Frontiers of Environmental Science and Engineering in China*, 2011, 5(1): 40-47.
- [17] Kirk J L, Beaudette L A, Hart M, Moutoglis P, Kliromos J N, Lee H, Trevors J T. Methods of studying soil microbial diversity. *Journal of Microbiological Methods*, 2004, 58(2): 169-188.
- [18] Bohannan B J M, Hughes J. New approaches to analyzing microbial biodiversity data. *Current Opinion in Microbiology*, 2003, 6(3): 282-287.
- [19] Hughes J B, Hellmann J J, Ricketts T H, Bohannan B J. Counting the uncountable: statistical approaches to estimating microbial diversity. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(10): 4399-4406.
- [20] Gao C, Huang M R, Tao S, Sun X, Li J, Guo L D. Seasonal dynamics of culturable bacterium numbers in freshwater bodies of different water quality in Beijing. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, 31(4): 1157-1163.
- [21] Hejmanová-Nezerková P, Hejman M. A canonical correspondence analysis (CCA) of the vegetation-environment relationships in Sudanese savannah, Senegal. *South African Journal of Botany*, 2006, 72(2): 256-262.
- [22] Deng Z Z. On Water System and Rainwater Harvesting System in Beijing Olympic Green. Beijing: China Water Power Press, 2009.
- [23] Guo X Y, Dong Z, Gong H L. Influence of reclaimed water irrigation on microbial community on lawn soil. *China Environmental Science*, 2006, 26(4): 482-485.
- [24] Sakai M, Matsunaga N, Matsuoka A, Kanazawa S. Application of T-RFLP analysis to the study of bacterial community structure in the rhizosphere. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2001, 47(4): 773-778.
- [25] Dong X Z. Common Bacteria Identification Manual. Beijing: Chinese TCM Publishing House, 2000.
- [26] Sun L. Endophytic Bacteria and Root-Associated Bacteria with Rice by Culture-Independent and Culture-Dependent Approaches [D]. Beijing: Capital Normal University, 2006.
- [27] Liang W, Wu Z B, Zhou Q H, Cheng S P, Fu G P. Analysis of substrate microorganisms in the constructed wetland and their correlation with wastewater purification effects. *China Environmental Science*, 2010, 30(2): 282-285.
- [28] Wang X D, Zhai Z H, Zhao S. The bacterial diversity in different seasons of Miyun Reservoir. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(7): 3919-3927.
- [29] Li F D, Yu Z N, He S H. Agricultural Microbiology Experiment Technology. Beijing: China Agriculture Press, 1996.
- [30] Lu K H, Hu Z Y, Liang J J, Zhu J Y. Characteristics of rhizosphere microbial community structure of two aquatic plants in eutrophic waters. *China Environmental Science*, 2010, 30(11): 1508-1515.
- [31] Huang D F, Li T, Lu B. Pollutants removal and analysis of structure changes of microbial community in integrated vertical-flow constructed wetland. *Research of Environmental Science*, 2007, 20(6): 137-141.
- [32] Wang X D, Zhai Z H, Zhao S, Li R Q, Ma W L, Li Y H. Effect of free surface flow wetland and subsurface flow wetland on bacterial diversity in Beijing Cuihu Wetland Park. *Environmental Science*, 2009, 30(1): 280-288.
- [33] Zhou Q H, He F, Zhang L P, Wang Y F, Wu Z B. Characteristics of the microbial communities in the integrated vertical-flow constructed wetlands. *Journal of Environmental Sciences*, 2009, 21(9): 1261-1267.
- [34] Wang Z Q, Wang W D, Zhu G B, Yin C Q. A comparative study on the diversity of rhizospheric bacteria community structure in constructed wetland and natural wetland with reed domination. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, 31(16): 4489-4498.
- [35] Liang W, Wu Z B, Zhan F C, Deng J Q. Seasonal variation of macrophytes root-zone microorganisms and purification effect in the constructed wetland system. *Journal of Lake Sciences*, 2004, 16(4): 312-317.
- [36] ter Braak C J F, Verdonschot P F M. Canonical correspondence analysis and related multivariate methods in aquatic ecology. *Aquatic Sciences*, 1995, 57(3): 254-289.
- [37] Shiah F K, Ducklow H W. Temperature regulation of heterotrophic bacterioplankton abundance, production, and specific growth rate in Chesapeake Bay. *Limnology Oceanography*, 1994, 39(6): 1243-1258.
- [38] Rivkin R B, Anderson M R. Inorganic nutrient limitation of oceanic bacterioplankton. *Limnol Oceanogr*, 1997, 42(4): 730-740.
- [39] Øvreås L, Bourne D, Sandaa R A, Casamayor E O, Benlloch S, Goddard V, Smerdon G, Heldal M, Thingstad T F. Response of bacterial and viral communities to nutrient manipulations in seawater mesocosms. *Aquatic Microbial Ecology*, 1997, 31(2): 109-121.
- [40] Kong F X, Gao G. Hypothesis on cyanobacteria bloom-forming mechanism in large shallow eutrophic lakes, *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25(3):

589-595.

- [41] Minana-Galbis D, Farfan M, Fuste M C, Lore J G. *Aeromonas bivalvium* sp. nov., isolated from bivalve mollusks. *Int. J. Syst. International Journal of Systematic and Evolutionary*, 2007, 57(3) : 582-587.
- [42] Pianetti A, Bruscolini F, Rocchi M B, Sabatini L, Citterio B. Influence of different concentrations of nitrogen and phosphorous on *Aeromonas spp.* growth. *Igiene E Sanità Pubblica*, 2006, 62(6) : 609-622.
- [43] Holguin G, Guzman M A, Bashan Y. Two new nitrogen-fixing bacteria from the rhizosphere of mangrove trees: their isolation, identification and in vitro interaction with rhizosphere *Staphylococcus sp.*. *FEMS Microbiology Ecology Letters*, 1992, 101(3) : 207-216.
- [44] Chen B Q, Yin C Q. The ecological distributions of bacteria and algae in the stimulation wetland system. *Acta Ecologica Sinica*, 1998, 18(6) : 634-639.

参考文献:

- [1] 周陆波, 韩烈保. 再生水灌溉草坪绿地的研究进展. *节水灌溉*, 2004, 5 : 17-20.
- [2] 郭道宇, 宫辉力, 赵文吉. 再生水灌溉对草坪根际可培养细菌组成影响. *微生物学报*, 2010, 50(11) : 1519-1524.
- [4] 文静. 北京水务局发布再生水十二五规划. *中国新闻网*, 2011-01-28. <http://www.chinanews.com/ny/2011/01-28/2817700.shtml>.
- [5] 朱竞男, 王晓丹, 翟振华, 马文林, 李荣旗, 王雪莲, 李艳红. 稻香湖景酒店景观再生水生产中的细菌群落结构变化. *环境科学*, 2010, 31(5) : 1299-1306.
- [14] 魏成, 刘平. 人工湿地污水净化效率与根际微生物群落多样性的相关性研究. *农业环境科学学报*, 2008, 27(6) : 2401-2406.
- [20] 高程, 黄满荣, 陶爽, 孙翔, 黎景, 郭良栋. 北京城不同水质水体可培养细菌数量的季节动态变化. *生态学报*, 2011, 31(4) : 1157-1163.
- [22] 邓卓智. *北京奥林匹克公园水系及雨洪利用系统研究、设计及示范*. 北京: 中国水利水电出版社, 2009.
- [23] 郭道宇, 董志, 宫辉力. 再生水灌溉对草坪土壤微生物群落的影响. *中国环境科学*, 2006, 26(4) : 482-485.
- [25] 东秀珠. *常见细菌系统鉴定手册*. 北京: 中国中医药出版社, 2000.
- [26] 孙磊, 非培养方法和培养方法对水稻内生细菌和根结合细菌的研究 [D]. 北京: 首都师范大学, 2006.
- [27] 梁威, 吴振斌, 周巧红, 成水平, 付贵萍. 构建湿地基质微生物与净化效果及相关分析. *中国环境科学*, 2002, 22(3) : 282-285.
- [28] 王晓丹, 翟振华, 赵爽. 密云水库不同季节细菌群落多样性. *生态学报*, 2009, 29(7) : 3919-3927.
- [29] 李阜棣, 喻子牛, 何绍红. *农业微生物学实验技术*. 北京: 中国农业出版社, 1996.
- [30] 陆开宏, 胡智勇, 梁晶晶, 朱津永. 富营养水体中 2 种水生植物的根际微生物群落特征. *中国环境科学*, 2010, 30(11) : 1508-1515.
- [31] 黄德锋, 李田, 陆斌. 复合垂直流人工湿地污染物去除及微生物群落结构的 PCR-DGGE 分析. *环境科学研究*, 2007, 20(6) : 137-141.
- [32] 王晓丹, 翟振华, 赵爽, 李荣旗, 马文林, 李艳红. 北京翠湖表流和潜流湿地对细菌多样性的影响. *环境科学*, 2009, 30(1) : 280-288.
- [34] 汪仲琼, 王为东, 祝贵兵, 尹澄清. 人工和天然湿地芦苇根际土壤细菌群落结构多样性的比较. *生态学报*, 2011, 31(16) : 4489-4498.
- [35] 梁威, 吴振斌, 詹发萃, 邓家齐. 人工湿地植物根区微生物与净化效果的季节变化. *湖泊科学*, 2004, 16(4) : 312-317.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 33, No. 5 March, 2013 (Semimonthly)
CONTENTS

Frontiers and Comprehensive Review

- The effect of nitrogen deposition on forest soil organic matter and litter decomposition and the microbial mechanism WANG Jingyuan, ZHANG Xinyu, WEN Xuefa, et al (1337)
Advances and the effects of industrial hemp for the cleanup of heavy metal pollution LIANG Shumin, XU Yanping, CHEN Yu, et al (1347)
A review for evaluating the effectiveness of BMPs to mitigate non-point source pollution from agriculture MENG Fande, GENG Runzhe, OU Yang, et al (1357)
Progresses in dendrochronology of shrubs LU Xiaoming, LIANG Eryuan (1367)

Autecology & Fundamentals

- The characteristics of nocturnal sap flow and stem water recharge pattern in growing season for a *Larix principis-rupprechtii* plantation WANG Yanbing, DE Yongjun, XIONG Wei, et al (1375)
Effects of soil drought stress on photosynthetic characteristics and antioxidant enzyme activities in *Hippophae rhamnoides* Linn. seedlings PEI Bin, ZHANG Guangcan, ZHANG Shuyong, et al (1386)
Diurnal activity time budget of Père David's deer in Hubei Shishou Milu National Nature Reserve, China YANG Daode, LI Zhuyun, LI Pengfei, et al (1397)
Sublethal effects of three insecticides on the reproduction and host searching behaviors of *Sclerodermus sichuanensis* Xiao (Hymenoptera: Bethyidae) YANG Hua, YANG Wei, YANG Chunping, et al (1405)

Population, Community and Ecosystem

- Seasonal succession of zooplankton in Sansha Bay, Fujian XU Jiayi, XU Zhaoli (1413)
Biomass production and litter decomposition of lakeshore plants in Napahai wetland, Northwestern Yunnan Plateau, China GUO Xuhu, XIAO Derong, TIAN Kun, et al (1425)
The flora and species diversity of herbaceous seed plants in wetlands along the Xin'anjiang River from Anhui YANG Wenbin, LIU Kun, ZHOU Shoubiao (1433)
Spatial-temporal variation of root-associated aerobic bacterial communities of *phragmites australis* and the linkage of water quality factors in constructed wetland XIONG Wei, GUO Xiaoyu, ZHAO Fei (1443)
Temporal dynamics and influencing factors of leaf respiration for three temperate tree species WANG Zhaoguo, WANG Chuankuan (1456)
Environmental controls on water use efficiency of a poplar plantation under different soil water conditions ZHOU Jie, ZHANG Zhiqiang, SUN Ge, et al (1465)
An analysis of calcium components of *Artemisia ordosica* plant on sandy lands in different ecological regions XUE Pingping, GAO Yubao, HE Xingdong (1475)
Effects of alpine meadow plant communities on soil nematode functional structure in Northern Tibet, China XUE Huiying, HU Feng, LUO Daqing (1482)
Soil fauna diversity of abandoned land in a copper mine tailing area ZHU Yongheng, SHEN Fei, YU Jian, et al (1495)
Effects of ciprofloxacin on microbial biomass carbon and carbon metabolism diversity of soil microbial communities MA Yi, PENG Jinju, WANG Yun, et al (1506)
Estimation of ecological water demands based on ecological water table limitations in the lower reaches of the Liaohe River Plain, China SUN Caizhi, GAO Ying, ZHU Zhengru (1513)

Landscape, Regional and Global Ecology

- The ecological security patterns and construction land expansion simulation in Gaoming SU Yongxian, ZHANG Hong'ou, CHEN Xiuzhi, et al (1524)
Root features of typical herb plants for hillslope protection and their effects on soil infiltration LI Jianxing, HE Binghui, CHEN Yun (1535)

- The dynamic change of the thermal environment landscape patterns in Beijing, Shanghai and Guangzhou in the recent past decade ...
..... MENG Dan, WANG Mingyu, LI Xiaojuan, et al (1545)
- Change trends and driving factors of base flow in Kuye River Catchment
..... LEI Yongnan, ZHANG Xiaoping, ZHANG Jianjun, et al (1559)
- Photosynthetic characteristics, biomass allocation, C, N and P distribution of *Schima superba* seedlings in response to simulated
nitrogen deposition LI Mingyue, WANG Jian, WANG Zhenxing, et al (1569)
- Effect of iron slag adding on methane production, oxidation and emission in paddy fields
..... WANG Weiqi, LI Pengfei, ZENG Congsheng, et al (1578)
- Resource and Industrial Ecology**
- Antioxidative system and chlorophyll fluorescence of *Zizania latifolia* Turcz. plants are affected by *Ustilago esculenta* infection
..... YAN Ning, WANG Xiaoqing, WANG Zhidan, et al (1584)
- Analysis of cold-regulated gene expression of the Fingered Citron (*Citrus medica* L. var. *sarcodactylis* Swingle)
..... CHEN Wenrong, YE Jiejun, LI Yongqiang, et al (1594)
- Hosts preference of *Echinothrips americanus* Morgan for different vegetables ... ZHU Liang, SHI Baocai, GONG Yajun, et al (1607)
- Induction effects of jasmonic acid on tannin content and defense-related enzyme activities in conventional cotton plants
..... YANG Shiyong, WANG Mengmeng, XIE Jianchun (1615)
- Effects of irrigation with paper mill effluent on growth and nutrient status of *Populus tomentosa* seedlings
..... WANG Ye, XI Benye, CUI Xiangdong, et al (1626)
- Water use efficiency of Jiangsu Province based on the data envelopment analysis approach
..... ZHAO Chen, WANG Yuan, GU Xueming, et al (1636)
- Research Notes**
- Characteristics of precipitation distribution in *Pinus tabulaeformis* plantations under different canopy coverage in Taiyue Mountain
..... ZHOU Bin, HAN Hairong, KANG Fengfeng, et al (1645)
- Driving factor analysis on the vegetation changes derived from the Landsat TM images in Beijing JIA Baoqun (1654)
- Effects of *Mikania micrantha* wilt virus infection on photosynthesis and the activities of four enzymes in *Mikania micrantha* H. B. K.
..... WANG Rui long, PAN Wanwen, YANG Jiaoyu, et al (1667)

《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研工作者,探索自然奥秘,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研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

编辑部主任 孔红梅 执行编辑 刘天星 段 靖

生 态 学 报

(SHENTAI XUEBAO)

(半月刊 1981年3月创刊)

第33卷 第5期 (2013年3月)

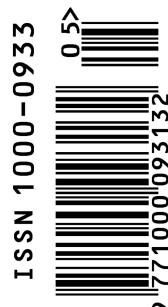
ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 33 No. 5 (March, 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
主 编	王如松
主 管	中国科学技术协会
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
出 版	科 学 出 版 社 地址:北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717
印 刷	北京北林印刷厂
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
订 购	全国各地邮局
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
广 告 经 营	京海工商广字第8013号
许 可 证	

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
Editor-in-chief	WANG Rusong
Supervised by	China Association for Science and Technology
Sponsored by	Ecological Society of China Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
Published by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net
Domestic	All Local Post Offices in China
Foreign	China International Book Trading Corporation Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China



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