



14th
- 第 14 届 -

全国生物多样性科学与 保护研讨会

2022年12月11-13日

线上（腾讯平台）、线下（华东师范大学）

论文摘要集

中国科学院生物多样性委员会办公室
华东师范大学生态与环境科学学院
编辑

第十四届全国生物多样性科学与保护研讨会

论文摘要集

主办单位

中国科学院生物多样性委员会
生态环境部自然生态保护司

指导单位/支持单位

中国科学院科技促进发展局
国家林业和草原局自然保护地管理司

承办单位

华东师范大学生态与环境科学学院

协办单位

北京生物多样性科学研究会
浙江天童森林生态系统国家野外科学观测研究站
上海市城市化生态过程与生态恢复重点实验室
中国生物多样性监测与研究网络
深圳市质兰公益基金会

中国科学院生物多样性委员会办公室 华东师范大学生态与环境科学学院 编辑

目录

大会报告人摘要.....	1
土壤生物多样性研究的进展.....	1
我国国家公园空间布局研究.....	1
中国自然保护地的连通性和兼用性.....	2
微山湖湿地中纤毛虫的物种多样性：一份初步信息.....	2
地质历史时期鱼类生物多样性起源与演化.....	3
裸子植物多样性的时空演化与保护.....	3
达尔文归化谜团的纬度梯度格局.....	4
专题报告会摘要.....	5
专题 1. 濒危物种评估与保护（召集人：胡义波、严岳鸿）.....	5
穿山甲保护遗传学研究.....	5
中国亚热带地区典型珍稀濒危孑遗植物的演化与保护.....	5
边地求生：中国野生云豹现状评估与保护建议.....	6
狭域快速进化草本类群的物种评估与保护——以安徽羽叶报春和堇叶报春复合群为例.....	7
中国小鲵的资源现状与保护.....	7
北部湾布氏鲸种群动态及保护.....	8
国产秋海棠属物种最新概况及濒危等级评价初报.....	8
猎隼上高原之路.....	9
国家二级保护水蕨属物种的重新界定与保护基因组学研究.....	9
横断山区龙蜥物种保护生态学研究.....	10
Population survey combined with genomic-wide genetic variation unravel the endangered status of <i>Quercus gilva</i>	11
国家保护研究能力的差异及其对生物多样性保护的影响.....	12
广东植物多样性的评估和保护.....	12
西藏温泉蛇就地保护方案.....	13
水青冈属进化生物学及国产物种保育遗传学研究.....	13
保护东北虎：挑战和必要的行动.....	13
Effects of climate and landcover change on the conservation status of global small apes.....	14
The 10th Anniversary of the Scientific Description of the Black Snub-nosed Monkey (<i>Rhinopithecus strykeri</i>): it is time to initiate a set of new management strategies to save this Critically Endangered primate from extinction.....	15
Species traits and severity of long-term droughts affect bird survival.....	16
Assessment of population genetic diversity and genetic structure of the North Chinese leopard (<i>Panthera pardus japonensis</i>) in a fragmented habitat in northern China.....	17
The effect of mining and road development on habitat fragmentation and connectivity of khulan (<i>Equus hemionus</i>) in Northwestern China.....	17
贵州省黔东南州重点保护、珍稀植物多样性及优先保护研究.....	18
基于野外死亡个体的大鸨保护基因组学研究.....	18
重庆市分布的国家重点保护野生植物.....	19
豚鹿(<i>Axis porcinus</i>)很可能已在中国区域灭绝及其保护启示.....	20
专题 2. 土壤生物多样性（召集人：傅声雷、高程）.....	21
基于性状的土壤跳虫多样性研究.....	21
土壤食物网中“隐藏的生物多样性”.....	21

基于多组学技术的土壤线虫多样性与系统发育研究	22
土壤病毒补偿宿主抵御胁迫的分子解毒机制	23
中国巨蚓科蚯蚓物种多样性的时空进化格局	23
第三代测序技术在微生物生态学中的应用	24
干旱对亚森林土壤甲烷氧化菌多样性的影响	24
土壤动物知识图谱构建理论方法与技术实践---以浙江天目山土壤螨为例	25
Land snail invasion homogenizes seasonal differences in soil biodiversity in tropical coral islands	26
盐度对亚热带旱地 N ₂ O 通量及其功能微生物多样性的影响	27
针茅根际土壤微生物群落多样性及其驱动力	27
沙障对流动沙丘区地表节肢动物分布及多样性的影响	28
戈壁生态系统荒漠收获蚂蚁穴对动物多样性的影响	28
Effects of organic fertilizer replacement for plant vegetable fertilizer on soil nematode community and ecological function	29
宁夏荒漠草原土壤细菌与真菌群落对自然降水变化的响应	30
间作作物种间相互作用对土壤细菌群落的影响	30
西藏昆虫病原真菌多样性研究	31
专题 3. 森林生物多样性（召集人：王绪高、陈 磊）	33
大型森林固定样地及其对长期生态学研究的意义	33
Conspecific, intraspecific genetic and interspecific phylogenetic neighborhood effects on the growth of a dominant canopy species, <i>Pometia pinnata</i>	33
Multidimensional beta diversity across local and regional scales in a Chinese subtropical forest: the role of forest structure	34
Plant β -diversity and deviation captured by spectrum	35
温带针阔混交林草本多样性时空变异及其影响机理	35
基于功能性状和系统发育的茂兰亚热带喀斯特植被不同演替阶段群落构建机制	36
Competition promotes greater intraspecific trait variability in inferior than superior species	36
多物种共存与土壤微生物群落：基于结构化方法	37
Phytochemical diversity, endemism and their adaptations to abiotic and biotic pressures in fine roots across a climatic gradient	38
南亚热带森林土壤功能微生物群落结构及其驱动机制研究	39
土壤肥力和菌根植物的交互作用解释了亚热带常绿阔叶林多样性-生物量关系的空间变异	39
菌根树种组成塑造了土壤真菌的群落构建	40
Soil water and nutrient gradients combined shape traits and sort species assemblages in a Chinese subtropical evergreen forest	40
黄河故道刺槐人工林结构多样性特征	41
大别山森林啮齿动物时空生态位与种间联结	42
大别山农田啮齿动物群落多样性及其时空动态	42
Plant trait-based life strategies vary in different succession stages of subtropical forests, Eastern China	43
通过化感作用揭示蕨类植物在维持森林生物多样性中的机制研究	44
中国植物园木本植物多孔菌多样性研究	44
寒温带落叶松林优势乔木叶和茎及根性状的性状特征	45
城市森林公园的植物多样性状况及其影响因子研究——以杭州市余杭区为例	45
热带的种间作用强于温带吗？以森林群落中的种子蛀食为例	46
甘肃连城国家级自然保护区鞘翅目昆虫分类及物种多样性初步研究	47
专题 4. 海洋生物多样性（召集人：孙军）	48

西北太平洋造礁石珊瑚的空间分布模式及其与环境因子的关系	48
西太平洋海山金柳珊瑚系统分类学和分布格局研究	48
海流驱动大洋真核微生物的地理分布	49
Potential impacts of climate change on the distribution of common echinoderms in the Yellow Sea and East China Sea.....	50
黄渤海浮游病毒的时空分布及其与环境因子的相关性	50
我国海域赤潮多样性及其时空动态规律与机制	51
黄河口西南侧天然牡蛎礁的牡蛎种群结构	51
利用整合分类学对中国海软体动物多样性研究	52
黄海蛇尾纲优势物种胃含物微生物群落组成与功能特征	53
东印度洋颗石藻钙化及多样性	53
海洋颗粒相关微生物多样性和稳定性的演替	54
南海中部海盆小型底栖生物群落和自由生活线虫分类研究	54
基于远洋海鸟 GPS 跟踪的中国海域保护空缺研究	56
渤海湾浮游动物群落及营养结构研究	56
浅海山促进真光层细菌相互作用复杂化	57
马鞍列岛海洋特别保护区人工生境夏季大型底栖动物组成年际变化研究	57
中国蓝碳生态系统保护现状和问题	58
基于大型底栖功能群分析的生态健康评估——以中国长江口人工牡蛎礁为例	59
基于环境 DNA 技术监测海湾鱼类多样性---以东山湾为例	59
浮游生物群落对当前沿海环境变化的不同响应	60
海洋颗粒相关微生物多样性和稳定性的演替	60
马鞍列岛海洋特别保护区人工生境夏季大型底栖动物组成年际变化研究	61
沿海水域缺氧情况下致病菌显著增加：渤海中部的连续观察	62
Physiological Changes and Elemental Ratio of <i>Scrippsiella trochoidea</i> and <i>Heterosigma akashiwo</i> in Different Growth Phase.....	62
基于多元统计技术的地表水水质评价——以于桥水库汇集区为例	63
基于 PSR-FCCLP 模型的渤海湾 TN 和 TP 总最大分配负荷优化研究	64
2020 年渤海湾大型底栖动物的物种和功能多样性及其底栖生态评价	64
纬度影响下北半球海洋生物多样性时空归趋	65
探究海洋杆菌和芽孢杆菌对颗石藻源 DOM 的影响	65
Chromosome-level Genome Provides Insights into Environmental Adaptability and Innate Immunity in the Common Dolphin (<i>Delphinus delphis</i>).....	66
专题 5. 草原生物多样性（召集人：贺金生、井新）	68
气候变化对草地植物多样性影响的思考	68
三江源区高寒草地退化与修复治理的理论和实践	68
氮素输入对草甸草原多类群生物多样性的影响	69
氮沉降对内蒙古典型草原植物 β 多样性的影响	69
落实草地生物多样性研究：融合性状生态学与本土知识	70
养分添加降低植物多样性的机制	70
氮添加降低旱区草地生产力稳定性非多样性的机制	71
高寒草甸植物群落与病原真菌之间的关系	71
植物群落生产力对气候变化的响应	72
全球变化因子干扰下土壤微生物多样性的功能研究	72
生物多样性-生态系统多功能性量化方法的再认识	72
植物缓解气候变暖导致的微生物多样性丢失	73

草原生产力对气候变化的长期响应.....	74
内蒙古温带草地群落稳定性维持机制.....	74
氮添加对草地生物多样性-生态系统功能关系的影响.....	75
三维土壤异质性对植物种群和群落结构和功能的影响.....	75
专题 6. 湿地生物多样性（召集人：宋长春、祝惠）.....	76
人工湿地对水鸟保护的作用.....	76
全球变化背景下北方草本湿地灌木扩张机制.....	76
红树林生境在海平面上升和土地利用动态影响下的空间分布潜力预测：以广西茅尾海为例.....	77
红树林生物多样性.....	77
重构生境多样性为湿地生态系统功能恢复提供基石.....	78
湿地生物多样性综合评估指数构建与景观因子相关性研究.....	78
气候变暖和植物多样性变化对北方泥炭地温室气体排放的影响.....	79
鄱阳湖沉水植被退化对小天鹅食性和种间竞争的影响.....	79
盐胁迫下陕西黄河湿地芦苇愈伤组织及其再生植株的生理生化响应.....	80
合肥市十八联圩湿地夏季水体浮游动物群落特征及其与环境因子的关系.....	81
专题 7. 生物多样性大尺度格局（召集人：沈泽昊、张健）.....	82
东亚植物区植物物种形成过程的空间分异-以当归属为例.....	82
北温带木本植物多样性的演化历史——来自化石与分子的共同证据.....	83
植物性状的地理格局及其与环境的关系.....	83
全球花寿命的地理格局及其影响机制研究.....	84
横断山区种子植物区系的空间格局及环境相关性.....	84
Geographic patterns and environmental correlates of taxonomic and phylogenetic diversity of aquatic plants in China.....	85
生物遗传数据的地理格局.....	86
全球鸟类羽毛颜色多样性地理格局及功能适应研究.....	86
1880 到 2020 年间北美鸟兽的种内性状变异变化研究.....	87
第四纪气候变化对全球树木 β 多样性格局的影响.....	87
亚洲哺乳动物多样性爆发和周转与新生代地质和气候事件同步发生.....	87
Beta 多样性的度量及其时空格局.....	88
中国高山生态系统土壤微生物分布特征及影响因素研究.....	88
横断山-安地斯山植物多样化形成历史的比较研究——以小檗属为例.....	89
人类聚居地区的古树：多样性、分布格局与保护实践.....	89
从卫星遥感的视角看人类活动对全球森林多维结构的影响.....	90
种群补偿效应在维持物种分布边界种群中的重要性.....	90
北美树木多度与距离的关系具有尺度依赖性.....	91
‘空间代替时间’的方法推断树木分布动态会受到取样偏差的影响.....	91
Climate change alters spatial pattern of plant spectral diversity across forests types.....	92
气候变化脆弱度的空间尺度依赖.....	92
森林灌丛群落优势种的大尺度分布格局研究.....	93
Comparative studies on functional diversity of tadpoles and adults of Anura in China.....	93
气候变化对东北地区柞属典型树种适宜分布区的影响.....	94
人类活动对两栖类多样性格局的影响.....	95
专题 8. 生物入侵（召集人：丁建清、郭文永）.....	96

植物入侵对生物多样性的间接影响	96
氮形态利用可塑性和偏好的种间差异对物种共存和多度的影响及环境效应	96
不同光环境和入侵程度对美洲商陆入侵本地植物群落的影响	97
本地生物多样性对植物入侵的阻抗机制探索	97
外来入侵脊椎动物对我国生物多样性的危害亟待评估	98
生物入侵: 生物地理学的天然实验	99
The maintenance mechanism of RTB–fungus invasive complex	99
气候变化下的入侵植物的进化机制、生态效应及其生物防治	100
非生物-生物胁迫下植物功能性状对入侵成功的贡献	100
植物生态适应策略与群落入侵	101
氮沉降对入侵种和本地种的生理生态特征及种间关系的影响	102
基于同质园实验的芦苇植物功能性状变异研究	102
戟叶凯氏草入侵初期的种群结构及扩散潜力	103
水氮耦合调控滨海盐沼湿地互花米草群落入侵和土壤种子库格局	104
The application of proteomics in describing <i>Bidens pilosa</i> root exudates impact on <i>Pteris multifida</i> gametophyte growth	104
Ginseng Species: Medicinal and Allelopathic Plants	105
Positive interactions of native species melt invasional meltdown over long-term plant succession	105
重金属铜对入侵植物和本地植物种间相互关系的影响	106
Naturalized plants of China: species composition, origin and spatial-temporal distribution	107
专题 9. 国家公园体系与自然保护地建设（召集人：徐卫华）	108
健全国家公园治理体系，高质量推进国家公园体系建设	108
保护科学跨学科整合与发展研究	108
国家公园与自然保护地自然标本馆建设	109
风景资源特色视角下长三角地区自然保护地景观价值识别	109
重庆市自然保护地现状及优化整合建议	110
自然保护地体系构建下国家森林公园转型发展研究	110
专题 10. 国家植物园体系建设与迁地保护（召集人：杨永平）	112
国家植物园建设为城市生物多样性提升带来新机遇	112
国家植物园：以迁地保护为重点的使命任务	112
深圳国家植物园建设可行性和规划	113
国家植物园引种扩繁与迁地保护体系建设的探讨	114
植物园迁地保护新思路	114
基于国家植物多样性迁地保护下的仙湖植物园物种保育现状和发展目标	115
红豆杉、珙桐迁地保育技术与示范	115
传统药用植物的保护和开发利用--以黄芩的次生代谢研究及开发利用为例	115
土壤生物与退化生态系统恢复	116
国家植物园应对外来入侵植物的使命与职责	116
Overview of fern resources in Zhejiang Tiantong National Forest Park	117
专题 11. 基因组时代的生物多样性研究（召集人：周欣）	119
蝶类性状多样性的演化基因组学研究	119
蛇类的起源与演化	119
遗传解析物种多样性形成与维持机制	120
环境 DNA 解析城市鱼类多样性分布模式及影响因素	121

Expanding the dimensions of diversity from community DNA.....	121
利用 eDNA 管理生物多样性：蚂蝗、森林和制度创新.....	122
基于外显子捕获数据的鲱形目系统发育分析和鲱形目系统分类重建	122
蜜蜂肠道微生物多样性的演化机制	123
构属 (<i>Broussonetia</i>) 植物高质量线粒体基因组组装与比较基因组学研究	124
Landscape genomics reveals genetic diversity and local adaptation of a desert steppe grass, <i>Stipa breviflora</i> Griseb.	124
药用植物滇白珠复合群的群体遗传学研究	125
黑线姬鼠长江亚种的线粒体基因组及其鼠科系统发育研究	126
小构树(<i>Broussonetia monoica</i>)EST-SSR 标记的开发与验证.....	126
黄杞属植物质体基因组比较与进化分析	127
药用植物天目地黄 (<i>Rehmannia chingii</i>) 线粒体基因组研究	127
桑科叶绿体比较基因组学研究	128
专题 12. 新技术在生物多样性研究中的应用 (召集人: 肖治术、苏艳军)	129
现代生物声学的学科发展趋势与机遇	129
基于声场景分类模型揭示生物声对人为活动的响应	129
连续录音中的生物声学信号分类: 音节分割与滑动窗	130
长期放牧改变了东北虎豹国家公园夏季声景属性和多样性	130
多技术手段融合在缓解人象冲突问题中的运用	131
Validating eDNA measurements of the richness and abundance of anurans at a large scale	131
新技术在昆虫多样性发现、监测和刻画中的研发与应用	132
痕迹器官与生物多样性	132
草地生物多样性遥感监测及其生态应用	133
动物三维生态学: Lidar 技术促进生态学由二维研究到三维空间的探索	133
生物多样性智慧观测试点小区案例分析	134
基于光谱多样性的森林冠层多样性研究	134
北极花: 一款生物多样性快速调查与数据分析软件介绍与评价	135
地形因子和干扰历史影响下的西双版纳勐仑地区热带森林林冠高度结构特征	136
生物多样性数据在推动开放科学和 SDG 目标实现中的案例分析	136
基于无人机高光谱遥感的草地退化指示物种的识别—以若尔盖高原高寒草甸为例	137
Remote sensing of tree diversity: the underappreciated role of canopy structure and phenological variation	138
人类活动对大中型兽类群落结构及夜行性改变的影响	139
菠萝新种质创制	139
专题 13. 岛屿生物地理学 (召集人: 阎恩荣、斯幸峰)	141
千岛湖人工陆桥岛屿生态学研究平台	141
片段化景观多尺度和多维度植物多样性研究	141
水力发电如何影响生物多样性	142
“天空岛”的动物群落构建与维持——以青藏高原为例	142
恒温动物适应岛屿环境的趋同代谢策略: 一种慢生活节奏	143
人类干扰背景下的岛屿植物物种多样性研究	143
Interspecific sociality alters the colonization and extinction rates of birds on subtropical reservoir islands	144
岛屿动物多样性分布与群落构建机制	145
岛屿鳞翅目昆虫多样性研究	145
片段化景观中苔藓植物多样性格局及其成因	146

中国海岛维管植物物种多样性的现状.....	147
全球鲸豚类的濒危格局、易灭绝特征和保护对策	148
舟山群岛鸟类多样性分布的负目标效应研究	148
Multiple isolated island refugia other than transoceanic dispersal sharpens the genetic pattern of red nanmu.....	149
舟山群岛木本植物与土壤动物多样性的分布格局	150
生境片段化对不同菌根类型植物多样性的影响	150
植食作用显著影响片段化生境中植物群落的建立过程	151

大会报告人摘要

土壤生物多样性研究的进展

朱永官

中国科学院生态环境研究中心 / 城市环境研究所

ygzhu@iue.ac.cn

土壤作为地球的“皮肤”，是具有生命的历史自然体。土壤是地球上生物多样性最丰富的栖息地之一，每一克土壤中含有数以亿计的生命，包括细菌，真菌，原生动物以及不同个体与种类的动物。土壤生物多样性在地球生态系统物质循环、植物生长和环境修复等方面均具有不可替代的作用。此外，土壤生物多样在次生代谢产物和药物开发方面也有巨大的潜力，人类医学史上最早的抗生素之一-链霉素就是从土壤中挖掘出来的。随着现代分子生物学和基因组技术的快速发展，近一二十年来土壤生物多样性的研究迅猛发展。本文将重点阐述以下主要研究进展，包括：1) 土壤生物的新功能不断得到挖掘；2) 大尺度土壤生物多样性的分布格局及其驱动因子进一步得到揭示；3) 土壤生物多样性与土壤生态功能的关系更加明晰；4) 土壤病毒的研究备受重视，重点是土壤病毒组的空间分异及其影响因素、土壤病毒的生态功能等。本文旨在根据近两三年来国内外的研究进展，结合团队的研究案例，探讨土壤生物多样性研究的最新进展及其特点，再次基础上简要讨论未来土壤生物多样性研究的方向和面临的挑战。

我国国家公园空间布局研究

欧阳志云

中国科学院生态环境研究中心 100085

zyouyang@rcees.ac.cn

我国国土辽阔，海域宽广，自然条件复杂多样，形成了生态特征各异的生态地理区，孕育了复杂多样的生态系统类型和自然景观，保育了丰富的植物、动物和微生物物种及繁复多彩的生态组合，不仅在保障国家生态安全中发挥了关键作用，还是全人类珍贵的自然遗产。保护自然遗产不仅是当前经济社会发展的迫切需要，也是我们的历史使命。

我国的国家公园是指为保护具有国家代表性的自然生态系统、自然景观和珍稀濒危动植物生境原真性、完整性而划定的予以严格保护与管理的区域，目的是给子孙后代留下珍贵的自然遗产，并为人们提供亲近自然、认识自然的场所。国家公园在国家自然保护体系中主体地位主要体现在保护国家最具代表性的、最珍贵和最有保护价值的自然生态系统与自然景观。

在梳理国际上国家公园规划方法与经验的基础上，构建了我国国家公园规划方法；系统评估我国生态地理区典型生态系统类型、国家代表性的自然景观、重点保护珍稀濒危物种和生态系统服务功能重要区域的空间分布特征；明确国家公园在自然保护与国家生态安全屏障中的定位与功能，建立国家公园总体空间布局规划准则与方法，提出中国国家公园布局总体

中国自然保护地的连通性和兼用性

杨锐

清华大学 北京 10084

yrui@tsinghua.edu.cn

自然保护地是生物多样性保护的基石。2020 年后全球生物多样性框架初步提出了“全球陆地和海洋区域的至少 30% 得到保护”的目标。在这一背景下，自然保护空间如何扩展是近年来的热点研究问题。本报告介绍了清华大学国家公园研究团队最近开展的两项研究。第一项的研究是中国自然保护地连通性研究：自然保护地的扩展需要形成连通性良好的系统，研究提出了一种评价自然保护地连通性并制定提升策略的系统性方法框架，全面评价中国陆域自然保护地连通性现状，从连通性的角度提出了中国陆地自然保护地扩展和生态廊道建设空间方案。第二项是有关 OECM（其他有效的基于区域的保护措施）的研究：自然保护兼用地可作为自然保护地的有力补充，研究提出了在大尺度上基于公开数据评估耕地对鸟类保护优先性的方法框架，根据物种丰富度、受胁程度及保护目标，识别出对于降低物种灭绝风险最具有不可替代性的重要耕地区域，并针对具有不同特征的重要耕地区域提出保护管理建议。

微山湖湿地中纤毛虫的物种多样性：一份初步信息

宋微波等

中国海洋大学 海洋生物多样性与进化研究所 青岛 266003

wsong@ouc.edu.cn

湿地环境是重要的碳源-碳汇及水生生物多样性形成与演化的中心之一。

在该生态系统中，纤毛虫原生动物构成了微食物网内核心的结构与功能单元。但因多种原因，迄今在全球范围内有关淡水湿地纤毛虫现代意义的研究严重缺位。

在国家自然科学基金重点项目“淡水湿地中纤毛虫原生动物多样性格局与档案资料的建立：以武汉东湖与微山湖水系为例”的资助下，作者所在团队自 2019 年起，围绕我国北方最大的淡水湿地（微山湖）中的纤毛虫开展了摸底式的调查。初步整理后的结果形成了如下数据：累计发现纤毛虫 187 种，其中 94 种鉴定为种级、87 种鉴定为属级（未定种），包括 6 种属级归属不详的种。我们同步建立了这些类群的生态学信息及物种多样性综合数据库，包括形态学数据、基因序列、主要理化因子及 DNA 库。上述物种中的大多数均缺乏详细、完整的纤毛图式等重要分类学特征的刻画（并且普遍缺失 DNA 信息的耦合），包括逾半数种类为国内新记录、其中约 20% 被初步鉴定为新物种和新属。此外，同步开展的环境 DNA 调查与分析表明，微山湖湿地中纤毛虫的物种多样性将远远高于此前的推测。

地质历史时期鱼类生物多样性起源与演化

朱敏^{1,2,3*}, 潘照晖^{1,2}

1 中国科学院古脊椎动物与古人类研究所, 中国科学院脊椎动物演化与人类起源重点实验室, 北京 100044;

2 中国科学院生物演化与环境卓越创新中心, 北京 100044;

3 中国科学院大学, 北京 100049

zhumin@ivpp.ac.cn

通过对地质历史时期生物多样性数据的分析, 多尺度分析不同门类、不同时代的生物对环境变化响应的异同, 探讨今日生物多样性形成与发展, 可以为生物多样性的保护与恢复提供借鉴。近年来一系列重要化石的发现与研究加深了对鱼类重要类群起源与早期演化的认识, 如志留纪早期重庆特异埋藏化石库和贵州石阡化石库的发现填补了有颌脊椎动物早期化石记录的空白, 但地质历史时期鱼类生物多样性研究仍处于起步阶段, 缺乏鱼类生物多样性时空分布格局的综合研究。造成这种现状的原因一部分是缺乏高质量的数据集, PBDB (Paleobiology Database) 作为现今最大的古生物数据库, 其中鱼类化石数据明显不全, 其它专题数据库(集)不乏高质量数据, 但在时间跨度、门类丰富程度各有偏重, 仍做不到综合全面; 而另一部分原因则是缺乏有效的抽样方法, 来弥补化石记录不完全或采样造成的偏差。鱼类有着 5 亿多年的演化历史, 是演化时间最长、物种数量最多的脊椎动物。对地质历史时期鱼类生物多样性研究的首要任务是数据的积累与清理, “深骨”数据库(DeepBone.org)在此背景下应运而生。以标本为基本数据承载单元, 以文献为数据背书, 以脊椎动物演化树为数据大纲的开放型数据库 DeepBone 从若干重要类群的数据集出发, 不断收集完善地质历史时期鱼类数据, 相关分析将在探讨地质历史时期鱼类生物多样性起源与演化中扮演重要角色。

裸子植物多样性的时空演化与保护

汪小全

中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室 北京 100093

xiaoq_wang@ibcas.ac.cn

现存裸子植物仅有约 1030 种, 不及被子植物物种数的千分之四, 但代表了种子植物传统分类系统中五大支系中的四支(苏铁类、银杏类、松柏类和倪藤类), 且占世界森林面积的近 40%, 具有极大的生态、经济和保护价值。随着分子系统学研究的不断深入, 松柏类被分为松科和 Conifer II 两支, 传统的杉科被并入柏科, 一些裸子植物属的范围也被重新界定, 但裸子植物的最基部类群、倪藤类的系统位置等仍然存在很大争议。此外, 裸子植物的时空进化历史、物种多样性形成机制、地理分布格局成因、庞大核基因组的进化模式等备受关注。近年来, 我们通过谱系基因组学等研究, 确立了裸子植物深层支系间的进化关系, 支持倪藤类为松科植物的姐妹群(倪藤-松假说, Gnepine hypothesis); 重建了裸子植物所有科间和属间进化关系以及罗汉松科、柏科等全球分布格局的形成过程。同时, 我们利用谱系基因组学、生态学、生物地理学等多学科方法, 揭示了松属等的时空进化历史和全球物种多样性的形成机制, 发现松属虽然起源古老, 但约 90% 的现存物种在中新世分化形成, 中纬

度地区是该属的进化博物馆，干旱指数在其生态位进化速率的转变中起决定性作用，火在其物种多样性和分布格局形成中也发挥了重要作用，且松属物种对温暖、干燥生境的偏好可能有助于其更好地适应人类世的气候变化。此外，我们对中国裸子植物的保护现状进行了研究，并选择一级濒危植物银杉等，通过群体转录组分析，进一步筛选群体和地理区域特异的 SNPs，实现快速的产地溯源，为保护区的物种管控提供技术支撑。

关键词：松柏类，谱系基因组学，物种形成，生物地理，产地溯源

达尔文归化谜团的纬度梯度格局

黎绍鹏

华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200062

spli@des.ecnu.edu.cn

生物入侵是当前人类社会面临的日益严峻的生态环境问题，揭示哪些外来物种更容易入侵是入侵生态学想要回答的核心科学问题。针对这一问题，达尔文在《物种起源》里提出了相反的两个假说，分别主张和本地群落亲缘关系近或远的外来物种更容易归化和入侵。这两个假说综合在一起现在被称为“达尔文归化谜团”。在过去 30 年间，生态学家围绕这一谜团在全球各地开展了大量的验证工作，试图从空间尺度、入侵阶段、测度指标和功能性状等角度出发，调和达尔文提出的这两个相反的假说。但是由于不同地区的研究往往得出矛盾的结论，这一谜团的和解仍存在很大困难。

通过分析 9780 种外来被子植物在全球 494 个地区的归化情境，我们发现在全球尺度上达尔文归化谜团呈现显著的纬度梯度格局，成功归化的外来物种和本地物种的亲缘距离随着纬度提高显著下降。具体表现为：在低纬度和环境温和的地区，和本地物种亲缘关系远的外来物种更容易成功归化；在高纬度和环境恶劣的地区，和本地物种亲缘关系近的外来物种更容易成功归化。这一纬度梯度格局在人类活动强的地区表现地更为显著的趋势。这一研究结果表明，环境条件和人类活动是改变外来物种和本地物种亲缘距离的关键因素，进而为这一长达 160 多年的谜团在全球尺度上的和解提供了新的思路。

专题报告会摘要

专题 1. 濒危物种评估与保护（召集人：胡义波、严岳鸿）

穿山甲保护遗传学研究

胡靖扬, 吕雪, 程绍臣, 刘纯兵, 姚雪沁, 张亚平, 张志刚, 于黎
云南大学 昆明 650504
yuli@ynu.edu.cn

穿山甲是世界上非法贸易最猖獗且极度濒危的哺乳动物, 其保护和研究备受关注。穿山甲属于哺乳动物纲, 劳亚兽总目, 鳞甲目, 穿山甲科, 但是穿山甲的演化历史, 即穿山甲与劳亚兽总目中的其他 5 个目 (真盲缺目, 翼手目, 鲸偶蹄目, 奇蹄目, 食肉目) 之间的系统演化关系一直存在争论。我们利用最大规模的基因组数据分析, 确定了穿山甲和食肉目具有最近的亲缘关系。接下来, 我们对穿山甲的群体历史动态进行研究发现海平面的升降变化、冰期气候变化和青藏高原隆升等是穿山甲种群分化和种群数量波动的重要原因, 而近期的人类活动影响导致了穿山甲有效群体急剧缩减。在遗传上的后果表现为具有较低的遗传多样性, 较高的近交水平和遗传负载, 提出穿山甲面临着近交衰退的风险和生存潜力的下降。研究结果为穿山甲的保护管理提供了重要信息。此外, 穿山甲具有独特的蚁食性, 我们通过“共生总基因组”研究, 即宿主基因组和肠道微生物组分析, 采用多组学手段, 包括基因组, 转录组, 宏基因组以及酶活功能实验, 揭示了穿山甲的特殊食性的演化适应, 表明宿主和肠道微生物之间通过复杂和多样的相互作用, 为穿山甲高蛋白和高脂肪代谢, 海藻糖降解等营养物质代谢以及有毒物质解毒的挑战提供了适应性策略。有意思的是, 研究还揭示了它们在空间上互补的合作, 完成几丁质的降解。研究结果为穿山甲的食性演化以及宿主和肠道共生体协同完成动物生理功能的机制提供了崭新的见解。

关键词: 穿山甲; 保护遗传学; 基因组学; 肠道微生物组

中国亚热带地区典型珍稀濒危孑遗植物的演化与保护

邱英雄
中国科学院武汉植物园 武汉 430074
qiuyingxiong@wbcas.cn

中国亚热带地区是第三纪孑遗植物的重要避难所, 保留了许多局域分布甚至濒临灭绝的珍稀孑遗植物。然而, 我们对第三纪以来的气候变化和近期人类活动对这些孑遗植物适应性潜力的影响仍知之甚少, 亟需深入理解种群动态历史和自然选择是如何互作影响孑遗植物的中性和适应性遗传多样性、近交水平和遗传负荷等。近年来, 本课题组对多个第三纪孑遗植

物如连香树、领春木、云南金钱槭等开展了系统研究。结果发现：中新世中晚期的干冷环境促进了连香树、领春木发生了物种形成和谱系分化；更新世冰期-间冰期气候震荡尤其 LGM 气候变冷导致孑遗植物发生了急剧的种群收缩和遗传瓶颈；然而，与局域适应有关的选择清除和平衡选择共同维持了关键生理过程相关基因的遗传变异，从而提高了连香树适应多样化环境的能力；景观基因组学研究发现，中国东部地区的连香树、领春木种群的基因组生态脆弱性最高。对于窄域种云南金钱槭而言，受 LGM 气候变冷及近期人为对生境破坏的双重影响，严重的瓶颈效应和繁育策略改变已导致部分遗传谱系近交水平加剧，选择效率降低且清除有害突变能力减弱，遗传负荷增加，面临灭绝风险。基于这些研究结果，我们提出了东亚第三纪孑遗植物的保护对策。

边地求生：中国野生云豹现状评估与保护建议

马子驭¹，李晟^{2*}

1. 中国猫科动物保护联盟 北京 101121;

2. 北京大学生命科学学院 北京 100871

* shengli@pku.edu.cn

云豹(*Neofelis nebulosa*)历史上广泛分布于我国华中、华南、华东与西南地区的热带与亚热带森林中。由于长期以来缺乏深入研究和有效保护，在盗猎、森林采伐、土地利用变化等威胁因素的共同作用下，20 世纪中期以来云豹在我国的分布范围和种群数量均大幅缩减，其分布现状亟需全面评估。我们系统检索和查阅了国内 1950 年以来的云豹标本、野外调查记录、地方志、新闻报道等直接证据，整理了中国各省级行政区内云豹记录存在的年代。基于国内云豹历史分布区内 55 个地点 2010-2020 年的红外相机监测数据，结合同期研究文献中记录的中国云豹确认分布位点，我们校准了已发表的云豹栖息地适合度模型，并在此基础上叠加保护地和行政区划图层，根据 2010-2020 年间森林覆盖率的减量评估云豹栖息地适合度的变化，以识别我国的云豹关键栖息地和保护优先区。结果显示，1950-2009 年，我国的云南、西藏、四川、陕西、甘肃、重庆、贵州、广西、广东、海南、湖北、湖南、安徽、江西、浙江、福建以及台湾共 17 个省级行政区有云豹分布，但其中 12 个迄今已超过 20 年无野外确认记录，目前仅在云南省和西藏自治区仍有云豹记录延续。当前我国大陆地区云豹潜在栖息地总面积 64,093 km²，分别位于 9 个连续的栖息地斑块中，其中 3 个为跨境斑块。2010-2020 年间，我国境内共在 5 个自然保护区的 10 个样区记录到云豹，全部位于西藏东南部以及云南西部和南部的 2 个跨境栖息地斑块(即“喜马拉雅-横断山脉西侧-若开山脉”和“无量山南麓-安南山脉”)的边缘。2010-2020 年间，这两个斑块在中国境内区域的年均森林覆盖率减量(0.84%)小于境外(1.57%)。从本研究的结果推断，中国目前确认分布的云豹种群极有可能维持在跨境分布的生境中，面临内部和跨境的双重挑战。相关保护地应有针对性地加强反盗猎执法，并开展栖息地恢复工作以提升云豹栖息地质量与斑块连通性，同时与周边分布区国家开展跨境保护合作，为现有云豹种群的长期生存和发展提供必要基础。

关键词：大型食肉动物；红外相机；栖息地适合度；物种分布；森林覆盖率；跨境保护；保护地

狭域快速进化草本类群的物种评估与保护——以安徽羽叶 报春和堇叶报春复合群为例

邵剑文

安徽师范大学 生命科学学院

shaojw@ahnu.edu.cn

正确的物种评估与分类是生物多样性资源保护与持续利用的前提基础。常用于物种分类的形态学证据由于环境饰变、趋同进化等原因常导致物种分类困难，而分子证据对于那些异域分布快速进化的草本植物易导致物种分类过细的问题。安徽羽叶报春和堇叶报春复合群现仅局限分布于安徽南部和浙江的丘陵山区，园艺利用价值高，但由于其居群分布对生境要求较高且繁育系统多次从异交转化为自交，它们的物种分类问题至今没有很好解决。近几年，课题组通过整合形态、分子、杂交实验及地理分布等证据研究了这两个复合群的物种分类问题。结果表明安徽羽叶报春复合群应划分为 4 个物种，堇叶报春复合群可划分为 2 个物种，繁育系统的转变是促使其物种形成的主要原因。这些研究结果对于这类资源植物保护和园艺栽培利用具有重要的指导价值，也提示整合多方面的物种特征是解决这类速进化草本类群物种分类的有效手段。

中国小鲵的资源现状与保护

吴华

华中师范大学生命科学学院 武汉 430079

wuhua@cnu.edu.cn

中国小鲵 (*Hynobius chinensis*) 是国家一级重点保护野生动物，被列入《中国生物多样性红色名录》濒危级。但是，中国小鲵的分布范围、种群数量和致危因素等资源现状数据缺乏，影响了其保护对策的制定和实施。2015 年至 2022 年，我们对中国小鲵的资源现状进行了连续多年的监测，发现中国小鲵仅分布在湖北省长阳县的榔坪镇和火烧坪乡，分布范围狭窄；仅在分布区域的 8 个繁殖场参与繁殖，繁殖场缺乏；参与繁殖的成体数量由 2016 年的 388 尾，到 2020 年的 266 尾，再到 2022 年的 143 尾，呈逐年下降的趋势；受到栖息地不断丧失、繁殖场不断被破坏、农药污染严重和遗传多样较低等致危因素的威胁。为了改变中国小鲵的濒危现状，近期急需加强现有栖息地的保护，减缓其栖息地面积逐年下降的趋势；开展中国小鲵人工辅助繁育技术的研究，提高其幼体的成活率和变态率；实施中国小鲵的野外放归，增加其野生种群的数量；在湖北省宜昌市的自然保护区寻找中国小鲵的适栖生境，实施迁地保护工程。

关键词：中国小鲵，分布范围，种群数量，致危因素，保护对策

北部湾布氏鲸种群动态及保护

陈炳耀 杨光
南京师范大学 南京 210024
chby2632@163.com

本课题组于2018年4月3日在北部湾广西北海涠洲岛水域发现了布氏鲸(*Balaenoptera edeni edeni*)群体,之后在布氏鲸集中出现的冬春季进行全程跟踪监测,目前对布氏鲸种群数量、行为、年龄和社会结构等比较清楚。根据无人机航拍照片分析,布氏鲸的体长约5.23-14.02 m,平均10.90 m(SD=1.82),幼崽、亚成体和成体数分别为7.8%、11.8%和80.4%。根据外形特征建立相应个体识别数据库,应用特征重捕法相关模型估算种群数量约为132头(95% CI=119-173头),大于已知的日本近岸种群和泰国湾种群,是目前全球已科学评估过的最大群体。这些布氏鲸个体之间为非随机联系,存在一定的偏好关系。目前来看,已分成5个小的社群,数量由6-30头不等,其中8头个体特征向量中心性较高,与其它鲸的联系较为频繁。涠洲岛布氏鲸拥有丰富的捕食行为,已确认8种,包括2种新定义的行为:“自旋转捕食/瓢舀捕食”(占捕食行为的15.3%)和合作冲刺捕食(40.9%),合作冲刺捕食是须鲸属的首次发现。这些捕食行为65.8%具有明显的偏侧性,以右偏侧为主(99.7%),可能是允许它们保持右眼观察猎物,提高捕食效率。目前无序观鲸和渔业捕捞等对布氏鲸有很大的潜在威胁,需引起重视,应尽早开展相关保护工作。

关键词: 布氏鲸, 捕食行为, 年龄结构, 社会结构, 种群数量

国产秋海棠属物种最新概况及濒危等级评价初报

田代科
上海辰山植物园 中国科学院分子植物科学卓越创新中心辰山科学研究中心 上海 201602
dktian@cemps.ac.cn

秋海棠属是多样性最高的植物类群之一,预计全球超过2500种。中国已知260种(不含种下类群),为目前该属物种所知数量最多的国家,且尚有数十种待描述发表,预计最终数量在300—350种之间,其中云南和广西分布的种类最多,其次为西藏。西藏绝大部分种类分布在藏南地区,集中于墨脱县。根据现有的野外调查和标本数据,基于国际红色名录标准评价,初步确定易危等级以上种类比例超过八成,同以往有关报道存在显著差异。其中,约30%的国产秋海棠为极危级,但目前只有香港秋海棠、海南秋海棠、阳春秋海棠等7种被列入国家二级保护植物名录,因此不利于其保护。针对一个物种的濒危等级评价和划分不应只从全球视野考虑,还应该从国家、省(区市)多层面考虑,这样才更加有利于物种的保护。当然,随着未来调查更加全面和深入,部分种类的保护级别会适当降低,但也有少数种类因经济价值高而可能被过度采集,或因生境破坏导致其居群和个体数量显著减少等从而需要及时提高保护级别。因此,国产秋海棠属物种的濒危级别评价划分是一个动态的过程。此外,位于藏南地区的物种由于政治原因当前还无法实施实地考察,其数据获取的便利性和真实性受到一定影响,从而影响到该区域部分物种濒危等级的客观评价。

猎隼上高原之路

潘胜凯

中国科学院动物研究所 北京 100101

pansk@ioz.ac.cn

猎隼(*Falco cherrug*), 是青藏高原的代表性猛禽, 广泛分布于欧亚大陆和北非的内陆草原和丘陵地区, 在我国还分布于新疆、内蒙、东北等地区。而其近缘种矛隼(*F. rusticolus*) 现在主要栖息于北极和亚北极地区的冻土苔原和森林苔原地带。通过对这两个物种进行种群遗传学分析揭示了猎隼逐步扩散至青藏高原的可能路线: 1) 约 4.1 (3.8-7.8) 万年前, 猎隼从中欧地区扩散到亚洲东部; 2) LGM 时期, 东部猎隼种群与矛隼杂交; 3) 约 1.0 (0.8-1.2) 万年前, 猎隼种群从蒙古拓殖至青藏高原地区。与其他高原动物一样, 高原猎隼面临着低氧、强紫外(UV) 辐射等极端环境的生存挑战。低温适应方面, 我们发现生活在寒冷地区的高原猎隼比西部猎隼体型更大, 体重更重, 这一现象符合贝格曼法则。在高原猎隼基因组中发现了两个相关的渗入基因: *SCMH1* 和 *SCARB1*。 *SCMH1* 内含子上的渗入片段具有更强的抑制效应, 使基因表达下降, 进而可能使其下游与身体发育相关的 *HOX* 基因表达上调, 引起猎隼体型增大。此外, 渗入型的 *SR-BI*^{PI2IL} (由 *SCARB1* 编码) 氨基酸突变, 有利于高原猎隼清除血液中更多的胆固醇, 降低寒冷条件下脂质增加的负效应。由此可见, 从北极近缘种中渗入的关键基因, 有助于猎隼更好地栖息于青藏高原的低温环境。低氧适应方面, 我们发现高原猎隼基因组中一段受选择最强的区域 (500 Kb), 折叠成一个拓扑结构域 (TAD), 使得该区段内的调控元件与血红蛋白基因间的互作增强, 促进血红蛋白表达量显著升高, 响应低氧压力。强 UV 适应方面, 通过比较羽毛的反射光谱发现, 高原猎隼呈现更深的羽色。基因组上与色素沉积相关的基因 *ASIP* 的一段内含子区受到正选择。高原型片段的增强效应减弱, 因而减少了 *ASIP* 基因的表达, 促进真黑色素的合成, 这可能减少了 UV 对高原猎隼的损伤。我们的研究阐明了猎隼快速拓殖青藏高原的过程, 发现了由北极姊妹种矛隼渗入的 2 个低温适应关键基因, 并揭示了非编码区突变在低氧、强 UV 适应相关基因表达调控中的重要作用, 为动物适应高原极端生境提供了新的见解。

关键词: 猎隼, 青藏高原, 基因渐渗, 低温, 低氧, 强 UV

国家二级保护水蕨属物种的重新界定与保护基因组学研究

张锐^{1#}, 张娇^{1#}, 舒江平², 于俊浩⁴, 商辉¹, 郑希龙³, 沈慧^{1*}, 严岳鸿^{2*}

1. 上海辰山植物园, 华东野生濒危资源植物保育中心 上海 201602;

2. 深圳市兰科植物保护研究中心 深圳 518114;

3. 广东药科大学 广东 527322;

4. 上海师范大学 上海 200234

shenhui@cemps.ac.cn

水蕨属 (*Ceratopteris*) 隶属于真蕨纲 (Polypodiopsida) 水龙骨科 (Polypodiales) 凤尾蕨科 (Pteridaceae), 全球 6-7 种, 分布于世界热带和亚热带地区的池塘、沼泽等湿地环境。由于生长周期短、再生效率高等生理学特性, 水蕨自上世纪 60 年起在欧美等国家逐渐被发

展成为同型孢子植物的模式植物，成为配子体发育、性别分化、世代转换等研究领域不可或缺的研究材料，有“蕨类植物的拟南芥”之称。水蕨属植物对生境较为敏感，其野外居群数量十分有限，因此被《世界自然保护联盟濒危物种红色名录》评估为易危（VU）物种。由于其重要的科研价值和濒危程度，水蕨属所有植物自 1999 年以来被列入我国二级重点保护野生植物名录，成为蕨类植物生物多样性保护的旗舰物种。

与其他绝大部分具横走根状茎、多年生的同型孢子蕨类植物不同的是，目前已知的水蕨属植物均为直立根状茎，为一年生植物。这使得水蕨属的起源成为一个谜题。另外，前人研究发现水蕨属植物在物种形成过程中普遍存在杂交、多倍化等网状进化事件，加之可用于分类鉴定的形态特征较为单一，这使得水蕨属存在大量隐形物种（Cryptic species）。随着高通量测序技术的快速发展，水蕨属大量隐形物种在国际上被发现。传统认为，水蕨属在我国仅分布有水蕨（*Ceratopteris thalictroides*）和粗梗水蕨（*Ceratopteris pteridoides*）两个物种。我们在大量野外调查的基础上，利用叶绿体基因组数据进行系统发育树重建，结合细胞学证据和形态学观察，有以下发现：1）发现水蕨属一全新物种，命名为“邢氏水蕨（*Ceratopteris shingii*）”；该种根状茎横走，为多年生，刷新了人们对水蕨属仅有一年生生活型的认知。2）邢氏水蕨位于整个水蕨属的基部，为水蕨属最早分化出的类群，这为重新定义水蕨属的起源与演化提供了契机。3）广泛分布于我国长江流域的“粗梗水蕨”与原产美洲的粗梗水蕨是完全不同的两个物种，将其拉丁学名重新命名为“*Ceratopteris chingii*”；4）在我国广泛分布的水蕨（*C. thalictroides*）是一个复合群，包含隐形物种，被命名为焕镛水蕨（*Ceratopteris chunii*）。世界水蕨属植物由原来已知的 6 种被扩展为 9 种。我们对国产四倍体水蕨（*C. thalictroides*）进行了基因组测序，获得了其高质量的基因组。Survey 及流式结果表明，水蕨基因组约 14.4G，基于二代、三代及 HIC 测序，将四倍体水蕨组装到染色体水平，组装大小为 13.75G，scaffold N50 达到 180 Mb，共预测得到 79,394 个基因。利用该数据对水蕨多倍化事件及网状进化历程进行了分析。

横断山区龙蜥物种保护生态学研究

石秀东，齐 银*

中国科学院成都生物研究所 成都 610041

* qiyin@cib.ac.cn

横断山区是国家“两屏三带”生态安全战略格局中“青藏高原生态屏障”和“黄土高原-川滇生态屏障”核心区域，也是全球 25 个生物多样性热点区域之一，其生态安全和生物多样性保护备受国内外关注。一直以来，国家对分布于该区域的鸟类和兽类给予高度关注，先后围绕滇金丝猴、马鹿、黑颈鹤建立 15 个国家级自然保护区和省级自然保护区，并辐射带动了其它系列国家保护物种的保护，例如：云豹、金雕、孟加拉虎、黑长臂猿等。但是，横断山区特有爬行类动物龙蜥（*Diploderma*）却未引起足够重视，尽管许多物种的有效生境已经受到水电开发和道路修建的严重威胁，部分物种甚至已面临局部灭绝风险。2021 年新公布的《国家重点保护野生动物名录》中，横断山区有 5 种龙蜥被列为国家二级保护动物，表明该区域龙蜥保护问题已经到刻不容缓的地步。

为了有效支撑龙蜥保护行动需求，我们对几个关键保护生态学问题进行了系统研究。一，龙蜥物种的适宜分布区及其与现有自然保护地体系和气候变化的相互关系。结果表明不同龙蜥物种适宜分布区存在明显差异，有些物种属于广布物种（如巴塘龙蜥、帆背龙蜥），而部分物种属于狭域分布（如侏龙蜥、滑腹龙蜥）。现有龙蜥物种适宜分布区基本不在现有

自然保护区内，且受未来气候变化的显著影响。二、龙蜥物种的生境偏好。结果表明龙蜥物种对微生境具有特殊的偏好，灌丛型龙蜥偏好有石块灌木、较陡的阳坡、较大的石块粒径和适宜的环境温度的生境；林地型龙蜥偏好高大乔木、较陡的上坡位和植被覆盖率高的生境。在植物偏好方面，灌丛型龙蜥偏好两头毛，林地型龙蜥偏好红花羊蹄甲。三、龙蜥对特定生境的形态适应。结果表明，经过长期的适应，不同生境的龙蜥物种已在体长和感官方面发生了相应的变化。林地型龙蜥体长和尾长大于灌丛型龙蜥，而灌丛型龙蜥相对吻长和相对胫骨长大于林地型龙蜥。上述研究将有效指导龙蜥保护策略的制定，为实现龙蜥保护和经济社会协调发展提供重要支撑。

关键词：横断山区；龙蜥；生境偏好；形态适应；保护行动

Population survey combined with genomic-wide genetic variation unravel the endangered status of *Quercus gilva*

Yi-Gang Song^{1,†,*}, Tian-Rui Wang^{1,†}, Zi-Jia Lu^{1,2}, Bin-Jie Ge¹, Xin Zhong¹, Xiao-Chen Li¹, Dong-Mei Jin¹, Quan Yuan^{1,2}, Yu Li^{1,3}, Yi-Xin Kang^{1,4}, Xin Ning¹, Si-Si Zheng¹, Li-Ta Yi³, Xi-Ling Dai², Jian-Guo Cao², Jung-Hyun Lee⁵, Gregor Kozłowski^{1,6,7}

¹ Eastern China Conservation Centre for Wild Endangered Plant Resources, Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai 201602, China

² Department of Biology, Shanghai Normal University, 100 Guilin Rd., Shanghai 200234, China

³ College of Forestry and Biotechnology, Zhejiang A&F University, Lin'an, Hangzhou 311300, China

⁴ School of Ecology and Nature Conservation, Beijing Forestry University, 35 Qinghua East Road, Beijing 100080, China

⁵ Department of Biology Education, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea

⁶ Department of Biology and Botanic Garden, University of Fribourg, Chemin du Musée 10, 1700 Fribourg, Switzerland

⁷ Natural History Museum Fribourg, Chemin du Musée 6, 1700 Fribourg, Switzerland

† These authors contributed equally to this work.

* Correspondence: ygsong@cemps.ac.cn (Y.-G.S.)

Since the Anthropocene, biodiversity loss under the human activity and climate change is aggravating. *Quercus gilva* is an evergreen oak species that native to China, Japan, and South Korea and threatened by long history of human impact. The purpose of this study was to (1) re-assessment the threatened category of *Q. gilva* based on our detailed survey, (2) identify the genetic structure and diversity of *Q. gilva* based on genomic data. Firstly, we carried out detailed survey of populations in China. Secondly, we collated all the literature and information. Finally, the genome-wide genetic variation was analyzed based on 66 individuals from 22 populations. We found that *Q. gilva* has been suffered rapid population decline and most of the populations are very small at present. The evolutionary path of *Q. gilva* was from southwest to east of China, and then to Japan and South Korea. *Quercus gilva* has no obviously genetic structure and relatively low genetic diversity. Among the 22 populations, most of the southwestern of China, South Korea, and Japanese populations have higher genetic diversity. The populations in Jingning (Zhejiang province; ZJN), Wuyuan (Jinxi province; JWY), and Zherong (Fujian province; FZR) have been suffered a strong bottleneck. In conclusion, *Q. gilva* is an endangered (EN) species native to East Asia. Due to the very low genetic diversity of *Q. gilva* and most of them are small populations, we need (1) strengthen the protection of this species, (2) carry out conservation actions with in-situ reinforcement populations, (3) select the populations with high genetic diversity as provenance for afforestation efforts. Finally, we suggested that genetic diversity should be considered as the

Keywords: biodiversity loss; conservation genomics; endangered species; Fengshui/shrine/temple forest; genetic diversity; human impact

国家保护研究能力的差异及其对生物多样性保护的影响

张璐^{1,2#}, 杨立^{1#}, Colin A. Chapman^{3,4,5,6}, Carlos A. Peres^{7,8}, 李添明^{1,2*}, 范朋飞^{1*}

¹ 中山大学生命科学学院 广州 510275

² 中山大学生态学院 深圳 518107

³ Woodrow Wilson International Center for Scholars, 1300 Pennsylvania Avenue NW, Washington DC, USA

⁴ Biology Department, Vancouver Island University, 900 Fifth Street, Nanaimo, British Columbia, Canada

⁵ School of Life Sciences, University of KwaZulu-Natal, KwaZulu-Natal, South Africa

⁶ 西北大学生命科学学院 西安

⁷ School of Environmental Sciences, University of East Anglia, Norwich, UK

⁸ Instituto Juruá, Manaus, Brazil

zhanglu38@mail.sysu.edu.cn

为实现 2030 年可持续发展目标和 2050 年生物多样性保护愿景，在 COP15 上发布的昆明宣言承诺加强发展中国家的生物多样性保护能力建设，这对于全球生物多样性保护具有重要意义。然而，尚未有研究对全球国家的保护研究能力（conservation research capacity）及其对各国生物多样性保护的影响进行过评估。本文整理了超过 17.7 万篇 2000 年后发表于生物多样性保护相关杂志上的文章，为全球 193 个国家构建了 6 个保护研究能力指标，并分析了指标在 2001-2020 年间的变化。我们发现，国家间的保护研究能力差异巨大，能力最高的 20% 国家发表了占总数 94% 的文章。更重要的是，国家间的保护研究能力差异随着时间推移在进一步增加。对于保护研究能力较高的国家而言，大部分指标对其国内的生物多样性保护（以 IUCN Red List Index 为指标）具有正向影响；然而对于保护研究能力较弱的国家，只有国家间的合作对生物多样性保护具有正向作用。因此，保护研究能力建设是所有国家需要优先考虑的事项，而能力较高的国家应该通过有效的合作来支持能力较弱国家的保护研究能力建设，包括共同培训科研工作者和为合作研究提供资助等。

关键词: 保护研究能力, 濒危物种, 生物多样性保护, 文献计量学

广东植物多样性的评估和保护

王瑞江

中国科学院华南植物园 广州 510650

wangrj@scbg.ac.cn

广东省高等植物有 8010 种（包括种及种下分类等级），其中野生植物种类有 6658 种。通过对广东省野生高等植物的评估，确定了广东省受威胁植物共有 672 种，占野生高等植物种类总数的 11.05%。基于前期的评估，广东省开展了水松、仙湖苏铁等重要野生植物资源的保护研究工作。并且，已经启动的华南国家植物园和即将开始的南岭国家公园的建设，将对植物的就地和迁地保护发挥更大的作用。

西藏温泉蛇就地保护方案

黄松

安徽师范大学 芜湖 241000

snakeman@ahnu.edu.cn

2021 年 2 月，新调整的《国家重点保护野生动物名录》中，西藏温泉蛇被列为国家一级重点保护野生动物。西藏温泉蛇是西藏自治区特有物种，是高原面上的唯一蛇种，对地热的依赖性很强。目前已知的 34 个分布点的生境都受到程度不同的破坏，西藏温泉蛇迫切需要帮助。本研究提出“在不影响经济发展和藏族民生福祉的前提下”就地保护西藏温泉蛇的方案：进一步本地调查，了解种群年龄结构，就地建设人工蛇窝，恢复静水湿地，蛙类再引入，设立围栏和监控，种群连年监测。

水青冈属进化生物学及国产物种保育遗传学研究

张志勇

江西农业大学 南昌 330045

zhangzy@jxau.edu.cn

水青冈属 (*Fagus L.*) 是北温带分布最为广泛、最为典型的落叶乔木类群之一，具有极为重要的生态价值、观赏价值、采用价值和研究价值。近十五年来，江西农业大学亚热带生物多样性实验室对水青冈属的系统发育、近缘姐妹种的物种形成、国产物种的谱系地理结构、濒危物种的保护遗传学开展了长期深入的研究。基本澄清了水青冈属的系统发育框架，揭示了大多数国产物种的谱系地理结构，明确了一些濒危类群的物种地位和保护价值，揭示了一对近缘姐妹种的物种形成方式，发现了这一姐妹种之间的杂交带。这些研究成果为水青冈属植物资源的保护提供了坚实的理论基础。

保护东北虎：挑战和必要的行动

王大伟，葛剑平，王天明

北京师范大学生命科学学院

1342501733@qq.com

生活在中俄边境孤立的东北虎 (*Panthera tigris altaica*) 种群，由于较小的种群规模（包括 38 个个体）和犬瘟热病毒 (CDV) 的传播等因素，其延续正面临严重的挑战。为此，我们开发了一个包含种群动态模型和流行病学模型的生存力分析元模型，来评估保护区内家犬管控、与邻近大种群连通以及扩大栖息地三种保护措施对提高种群生存力的有效性。模拟结果显示，在 3.14、6.29 和 12.26 致命当量的近交衰退下，如果不采取任何保护措施，我们的元模型预测 100 年内种群的灭绝率分别为 64.4%、90.6% 和 99.8%。此外，单独的家犬管控或栖息地扩大并不能保证虎种群在未来 100 年内的延续，与邻近大种群的连接只能使种群规模不至于迅速下降。然而，当上述三种保护方案相结合时，即使在最严重的 12.26 致死当量

近交衰退下，种群规模也不会下降，灭绝的概率将<5.8%。我们的研究表明，保护东北虎需要多方面的协同努力，对这一种群的主要管理建议强调了减少 CDV 威胁和将老虎的占有率扩大到其在中国的原有范围的重要性，此外重新建立与邻近种群的生境连接应是一个重要的长期目标。更广泛地说，我们的模型框架可以为保护计划提供关键的观点和科学支持，也可以为世界上其他濒危物种保护提供参考。

关键词：东北虎，犬瘟热，元模型，种群生存力分析（PVA）

Effects of climate and landcover change on the conservation status of global small apes

Li YANG¹, Tao CHEN¹, Kai-Chong SHI¹, Lu ZHANG¹, and Peng-Fei FAN^{1,*}

¹School of Life Sciences, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510275, Guangdong, P.R. China.

* fanpf@mail.sysu.edu.cn

Species shift their distribution in response to climate and landcover change, which may result in a spatial mismatch between currently protected areas (PAs) and priority conservation areas (PCAs). Here we examine the effects of climate and landcover change on potential range, and identify PCAs to effectively conserve small apes. We collected global gibbon occurrence points and modelled their current ranges, as well as potential ranges in 2050s under climate change and different landcover change scenarios, using ecological niche modeling. We examined the range change and PA coverage between the current and future ranges of each gibbon species. We applied spatial conservation prioritization to identify the top 30% PCAs for each species. We then evaluated how much of the PCAs are conserved by each country within the global range of small apes. On average, 31% (SD: 22%) of each species' current range is covered by PAs. PA coverage of the current range of 9 species is lower than 30%. Nine species will lose on average 46% (29%) of their potential range due to climate change. In climate change in an optimistic landcover change B1 scenario, 12 species will lose 39% (28%) ranges. In a pessimistic landcover change A2 scenario, 15 species will lose 36% (28%) ranges. Five species will lose significantly more ranges in the A2 scenario compared to the B1 scenario, suggesting that gibbons will benefit from effective landcover management. PA coverage of future range is lower than 30% for 11 species. On average, 32% (25%) of the PCAs is covered by PAs. Indonesia contains more species and PCAs and thus has the greatest responsibility for gibbon conservation. Indonesia, India, and Myanmar need to expand their PAs to carry their responsibility. Our results provide a science baseline for global gibbon conservation, especially for those countries lacking gibbon research capacity.

Keywords: PA coverage mismatch, primates, range shift, relative responsibilities assessment, spatial conservation prioritization.

The 10th Anniversary of the Scientific Description of the Black Snub-nosed Monkey (*Rhinopithecus strykeri*): it is time to initiate a set of new management strategies to save this Critically Endangered primate from extinction

Yin Yang^{1, 3, 4, 7†}, Aung Ko Lin^{2†}, Paul A. Garber^{5, 7}, Zhipang Huang^{1, 7}, Yiping Tian⁸, Alison Behie⁴,

Frank Momberg², Cyril C. Grueter^{6, 7}, Weibiao Li⁸, Ngwe Lwin^{2*}, Wen Xiao^{1, 7*}

¹ Institute of Eastern Himalaya Biodiversity Research, Dali University, Dali 671003, Yunnan, China

² Fauna & Flora International, Myanmar Programme, Sanchaung Township, 11111, Yangon, Myanmar

³ Institute of International Rivers and Eco-security, Yunnan University, 2 North Green Lake Road, Kunming, Yunnan 650091, China.

⁴ School of Archaeology and Anthropology, Australian National University, Canberra, ACT, 0200, Australia.

⁵ Department of Anthropology, Program in Ecology, Evolution, and Conservation Biology, University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, IL, USA.

⁶ School of Human Sciences, The University of Western Australia, Perth, Australia.

⁷ International Center of Biodiversity and Primate Conservation, Dali University, Dali, Yunnan 671003, China

⁸ Lushui Bureau of Gaoligongshan National Nature Reserve, Liuku, 673229, Yunnan, China

[†]These authors shared first authorship

* Wen Xiao, email: xiaow@eastern-himalaya.cn; Ngwe Lwin, email: ngwe.lwin@fauna-flora.org

Traditionally, the genus *Rhinopithecus* (Milne-Edwards, 1872, Primates, Colobinae) included four allopatric species, restricted in their distributions to China and Vietnam. In 2010, a fifth species, the black snub-nosed monkey (*Rhinopithecus strykeri*) was discovered in the Gaoligong Mountains located on the border between China and Myanmar. Despite the remoteness, complex mountainous terrain, dense fog, and armed conflict that characterizes this region, over this past decade Chinese and Myanmar scientists have begun to collect quantitative data on the ecology, behavior and conservation requirements of *R. strykeri*. In this article, we review the existing data and present new information on the life history, ecology, and population size of *R. strykeri*. We discuss these data in the context of past and current conservation challenges faced by *R. strykeri*, and propose a series of both short-term and long-term management actions to ensure the survival of this Critically Endangered primate species. Specifically, we recommend that the governments and stakeholders in China and Myanmar formulate a transboundary conservation agreement that will include a consensus on bilateral exchange mechanisms, scientific research and monitoring goals, local community development, cooperation to prevent the hunting of endangered species and cross-border forest fires, these actions will contribute to the long-term conservation and survival of *R. strykeri*.

Key Words: conservation; Covid-19; extinction risk; Myanmar snub-nosed monkey *Rhinopithecus strykeri*; poverty alleviation; transboundary

Species traits and severity of long-term droughts affect bird survival

张履冰 马子龙 刘阳

中山大学 生态学院 广州 510275

zhanglb23@mail.sysu.edu.cn

As a component of anthropogenic-mediated climate change, changing drought regimes has led to various consequences along the levels of biological organization. Identifying the factors related to these consequences will help the assessment of the vulnerability of organisms under drought impacts, and facilitate effective mitigation of climate change risks. By compiling the responses of 172 bird species to droughts from global publications, we examined the effect of droughts on bird survival and explored the factors which may mediate such an effect. We found droughts had a general negative impact on bird abundance and reproductive performance. Generally, bird abundance declined when severe droughts lasted over a year. For severe droughts occurred on a seasonal timescale, bird responses varied greatly along drought severity due to the disparity of sensitivity and plasticity among species. Bird abundance mostly declined under droughts if the species fed on food items that are susceptible to droughts such as invertebrates, fruits or nectar. Lower reproductive performance was found during or after droughts for species with a smaller range. Multi-model analysis better explained the responses of bird populations by additionally including mean clutch size – a trait correlated with environment seasonality. Severe droughts tended to have greater negative impacts on the abundance and reproductive performance of species with a smaller clutch size. Our findings indicate that bird populations would confront increasing risks in the regions where severe droughts extend, and species in these regions can be vulnerable if they rely on drought-sensitive resources or with critical life-history activities highly synchronized with a stable environment. This study also highlights the necessity of disentangling resistance of bird populations to drought impacts by measuring behavioral and physiological responses along drought severity.

Assessment of population genetic diversity and genetic structure of the North Chinese leopard (*Panthera pardus japonensis*) in a fragmented habitat in northern China

Qianqian Yin¹, Zhuo Ren¹, Xinyue Wen¹, Beibei Liu², Dazhao Song², Hailong Dou¹

1.College of Life Science, Qufu Normal University, Qu fu 273165

2.Chinese Felid Conservation Alliance, Beijing 101121

yiyiqian0506@163.com

The North Chinese leopard (*Panthera pardus japonensis*) is a unique subspecies of China, whose population has experienced severe decline since the 1930s and was once on the verge of extinction. At present, the leopards are mainly scattered in several fragmented habitats in North China, such as Shanxi, Shaanxi and Ningxia. The lack of information on the genetic diversity and genetic structure of this population makes it difficult to assess the resistance and persistence of this population to various factors. In this study, we used mitochondrial ND-5 gene sequences and eight microsatellite loci to genetically analyse 97 faecal samples collected from three leopard ranges. Among these samples, 62 faeces were successfully identified from 22 individuals (6 females, 16 males). Mitochondrial haplotypes showed four haplotypes and genetic diversity was moderate ($H_d=0.331, \Pi=0.0036$), while SSR showed high diversity ($PIC=0.673$). Population bottleneck analysis did not find that the population experienced bottleneck effect. STRUCTURE and TESS analyses revealed a distinct population boundary ($K=2$) associated with a spatial-geographic barrier (the Yellow River) in the leopard population. We estimate that the time of population divergence occurred between 8700 and 8300 years BP. Based on the research, we suggest that the leopard population on both sides of the Yellow River should be divided into two conservation management units to improve the efficiency of conservation management and contribute to the better recovery of the North Chinese leopard population.

The effect of mining and road development on habitat fragmentation and connectivity of khulan (*Equus hemionus*) in Northwestern China

Yingying Zhuo^{1,2,3,4,5#}, Wenxuan Xu^{1,2,3,4#}, Muiyang Wang^{1,2,3,4*}, Chen Chen^{1,2,3,4,5}, António Alves da Silva⁶, Weikang Yang^{1,2,3,4*}, Kathreen E. Ruckstuhl⁷, Joana Alves⁶

¹State Key Laboratory of Desert and Oasis Ecology, Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi 830011, China;

²The Specimen Museum of Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi 830011, China;

³Mori Wildlife Monitoring and Experimentation Station, Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Mori 831900, China;

⁴Sino-Tajikistan Joint Laboratory for Conservation and Utilization of Biological Resources, Urumqi 830011, China;

⁵University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China;

⁶Centre for Functional Ecology (CFE), TERRA Associate Laboratory, Department of Life Sciences, University of Coimbra, 3000-456 Coimbra, Portugal;

⁷Department of Biological Sciences, University of Calgary, 2500 University Drive Northwest, Calgary, AB T2N 1N4, Canada.

Habitat use by wild animals may be subject to spatial and temporal changes. The Kalamaili Mountain Ungulate Nature Reserve (KNR), inhabited by >80 % of Chinese khulan (*Equus hemionus*), is one of the most important desert ungulate reserves in Northwestern China. However, frequent human disturbance caused by mining development and road construction in KNR has interfered with or completely blocked their movement and access to parts of the reserve. In our study, we assessed the distribution of suitable habitat and ecological corridors of khulan before the mining development (2005), at the peak of mining development (2011), and after ecological restoration and expressway construction (2019). The results showed that most of the core habitat and ecological corridors of khulan were concentrated in the middle of the reserve and on the east side of the road. The habitat of khulan in KNR went from a good natural habitat in 2005 to deterioration due to mining development in 2011. Then it partially recovered due to ecological restoration from 2015 onwards. However, in 2019, road construction likely hindered its recovery to pre-mining levels. The location of corridors accordingly varied with the change of core habitat in different years. Nevertheless, the corridors intersecting roads generally had higher centrality values, indicating their higher importance. Our study revealed the significant impacts that mining development and road construction have had on the distribution of core habitats, ecological corridors, and movement of khulan. These results provide a scientific basis and valuable arguments for strengthening habitat connectivity for khulan.

贵州省黔东南州重点保护、珍稀植物多样性及优先保护研究

杨礼旦

佛山科学技术学院 广东佛山 528225

438376010@qq.com

为全面掌握黔东南州重点保护、珍稀植物多样性现状,确定黔东南州重点保护、珍稀濒危植物优先保护名录。方法:通过采用重点线路调查和样方调查相结合的方法野外实地调查,运用濒危系数、遗传价值系数、生境型系数、保护等级系数和利用价值系数计算出物种优先保护值,确定黔东南州重点保护、珍稀植物濒危等级和优先保护等级。结果:黔东南州分布有国家重点保护植物和珍稀濒危植物共 33 科 56 属 98 种。其中国家保护植物共 24 科 42 属 73 种,贵州省重点保护树种 10 科 14 属 17 种,《中国植物红皮书》珍稀濒危树种 1 科 1 属 1 种,贵州黔东南特有植物 4 科 4 属 7 种。属极危(CR)的有 5 种,占 5.10%;属濒危(EN)的有 23 种,占 23.47%。经优先保护等级评价,按照优先保护值(V 优)进行等级划分,确定为 I 级优先保护的有 8 种,占 8.17%;II 级优先保护的有 20 种,占 20.41%。结论:评定为黔东南州极危、濒危共有 28 种,占总种数的 28.57%;确定为 I、II 级优先保护的有 28 种,占 28.57%,说明黔东南州珍稀濒危植物数量多,级别高,保护工作形势严峻且亟待加强。

基于野外死亡个体的大鸨保护基因组学研究

罗浩然¹, 将欣芮¹, 徐枣旭², 欧晓彬², 徐洛浩¹

1. 西南大学生命科学学院淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室 重庆 400715

2. 陇东大学甘肃省陇东生物资源保护利用与生态修复重点实验室 甘肃庆阳 745000

luohaox@gmail.com

保护基因组学往往依赖于非入侵方法来获得濒危物种的 DNA 片段，但这也限制了多组学研究的开展。从野外冻存的死亡个体中收集样品为高质量核酸的获取提供了一个新的途径。我们基于在甘肃山区发现的新鲜死亡的大鸨个体展开了多组学研究。我们获取了几近完整的基因组组装，其中只有 18 个缺口，分布于 40 条染色体中的 8 条。不同于其他大部分鸟类，大鸨基因组组装包含了完整的染色体模型。我们的分析表明大鸨很可能保留了鸟类祖先核型。我们还刻画了大鸨 DNA 甲基化全景图，并发现其与 GC 含量及基因表达密切相关。我们的系统发育学分析提示鸨形目与蕉鹃目互为姐妹群，分化与 4600 万年前。我们发现大鸨的遗传多样性在所调查的 4 种鸨科鸟类中是最低的，很可能是在冰川期中群体衰退的结果。作为最重的迁徙鸟类之一，大鸨具有数个与心肌收缩、钙离子信号传导相关的扩张基因家族，同时其正选择基因富集于代谢相关通路。最后，我们鉴定了在大鸨性染色体上极为年轻的演化断层，而这在其中鸟类中非常少见。我们利用长读长与转录组测序技术的研究为基于野外死亡个体的濒危物种高质量核酸提取与多组学研究提供了可行策略与研究范例。

重庆市分布的国家重点保护野生植物

陈锋^{1,3}, 张虹¹, 邓洪平^{2,3}

1. 重庆自然博物馆 重庆 北碚 400799;

2. 西南大学生命科学学院 重庆 北碚 400715;

3. 重庆市野生动植物保护协会 重庆 北碚 400715)

fengchen408@163.com

《国家重点保护野生植物名录》(2021 版)于 2021 年 9 月颁布实施。为初步摸清重庆市域内保护植物变化情况,课题组整理历年野外调查数据,结合国家植物标本资源库及文献,整理出重庆市分布的国家重点保护野生植物名录,结果如下: 1、重庆市分布有 2021 版国家重点保护野生植物 135 种,其中一级 10 种,二级 125 种;就类群而言,苔藓植物 2 种,蕨类植物 14 种,裸子植物 18 种,被子植物 101 种; 2、保留物种 41 种,其中,伯乐树(*Bretschneidera sinensis*)因种群稳定、数量有所增加,由国家一级保护降为国家二级保护; 3、删除物种 10 种: 其中粗齿桫欏(*Alsophila denticulata*)、小黑桫欏(*Gymnosphaera metteniana*)、单叶贯众(*Cyrtomium hemionitis*)、扇蕨(*Lepisorus palmatopedatus*)、油麦吊云杉(*Picea brachytyla* var. *complanata*)、樟(*Cinnamomum camphora*)和喜树(*Camptotheca acuminata*)等 7 种因分布广、数量多、种群稳定而移出保护植物名录; 凹叶厚朴(*Magnolia officinalis* subsp. *biloba*)、光叶珙桐(*Davidia involucrata* var. *vilmoriniana*)和毛红椿(*Toona ciliata* var. *pubescens*)等 3 种因分类学地位发生变化,分别并入原变种而自动减少; 4、保护植物增加 94 种,其中,新增荷叶铁线蕨(*Adiantum nelumboides*)、崖柏(*Thuja sutchuenensis*)、麻栗坡兜兰(*Paphiopedilum malipoense*)和小叶红豆(*Ormosia microphylla*) 4 种一级保护植物,新增桧叶白发藓(*Leucobryum juniperoideum*)、穗花杉(*Amentotaxus argotaenia*)、丰都车前(*Plantago fengdouensis*)等 90 种国家二级保护植物。其中,兰科新增数量最多,32 种,其次藜芦科,10 种。研究结果为管理部门制定保护管理决策、研究人员开展保护研究提供了基础资料。

关键词: 重庆市; 国家重点保护野生植物; 名录; 分布

豚鹿(*Axis porcinus*)很可能已在中国区域灭绝及其保护启示

丁晨晨^{1,2}, 刘杰², 李春旺², 蒋志刚²

北京师范大学生命科学学院 北京 100875;

中国科学院动物研究所 北京 100101;

dccpanther@163.com.

豚鹿 (*Axis porcinus*) 在中国原分布于云南省西南部, 但自 1965 年以后再无科学记录。为了调查该物种在中国的种群及分布现状, 我们在 2018 年 10 月至 2020 年 10 月期间在豚鹿历史分布区进行了访问、样线和红外相机法调查。在云南省临沧市的 4 个县, 对 50 名当地居民进行了问卷调查, 并布设了 14 条样线。在南滚河国家级自然保护区(共 39.4 km 长样线, 82 个相机点, 15,120 个相机日)和永德大雪山国家级自然保护区(共 41.1 km 长样线, 68 个相机点, 13,554 个相机日)设置了红外相机陷阱。调查结果显示, 研究区共计有大中型哺乳动物 29 种, 但没有任何豚鹿现存的痕迹, 红外相机也没有捕获到豚鹿的影像。南汀河沿岸豚鹿适宜栖息的河漫滩草原已被改造成农业种植园和人类居住区。研究结果表明, 由于栖息地的丧失和过度捕猎, 豚鹿可能已经从中国灭绝。我们建议在南汀河流域建立保护区, 修复其栖息地, 并从原分布国家重引入豚鹿, 作为我国今后豚鹿种群恢复和保护重点。

关键词: 豚鹿, 红外相机, 栖息地丧失, 灭绝, 保护

专题 2. 土壤生物多样性（召集人：傅声雷、高程）

基于性状的土壤跳虫多样性研究

孙新¹, 谢致敬², 乔志宏^{1,3}, 吴东辉^{2,3}

1 中国科学院城市环境研究所

2 东北师范大学环境学院

3 中国科学院东北地理与农业生态研究所

xsun@iue.ac.cn

性状是生物对外界环境长期适应和进化后所呈现出来的可度量的特征，通过影响其生存、生长和繁殖等显著影响生态系统功能。由于个体较小、种类繁多且分类学知识匮乏，土壤动物多样性的研究多以物种多样性为主，功能指标在一些类群开始用于表征土壤健康状况变化，但在物种鉴定和性状获取等方面仍存在很多挑战。本研究将重点介绍跳虫多样性研究中可用的性状类型及其对环境变化的响应方式，在此基础上，揭示跳虫功能多样性分布格局及其影响机制。本研究将为土壤生物多样性保护、土壤健康管理以及生态系统功能恢复提供参考依据和技术支撑。

土壤食物网中“隐藏的生物多样性”

朱冬, Manuel Delgado-Baquerizo, 丁晶, Michael R. Gillings, 朱永官

中国科学院城市环境研究所 361021

dzhu@iue.ac.cn

物种的个体计数常用于生物多样性的评估。然而，大量的微生物共生体被发现存在于所有已知的动物体内。多项研究也表明土壤动物包含大量的微生物共生体，但我们对其知之甚少。这严重制约了我们对它的保护。因此，我们在全国范围内选取了 6 个具有代表性的地点，涵盖了我国主要的气候带，每个地点包括二种不同的土地利用方式，提取了土壤食物网中关键的动物类群（线虫、跳虫、线蚓、甲螨、捕食螨和蚯蚓），共获得 495 个动物样品。采用氮的稳定同位素技术确定了不同动物在土壤食物网中的营养级地位，通过微生物 DNA 的高通量测序技术研究土壤动物微生物组的变化。结果表明，丰富多样的微生物定殖在土壤动物体内，且不同于周围土壤中的微生物。随着土壤动物营养级的增加，其体内微生物的多样性也随之增加。中性模型的结果表明，环境因素对跳虫、甲螨和捕食螨微生物变化的解释率高于线虫、线蚓和蚯蚓。通过网络分析发现土壤动物微生物组中未被认知的细菌的比例随着营养级的增加而增加。进一步分析发现所有生态系统中的土壤动物都具有大量独有的微生物，且独有微生物的数量也随着营养级的增加而增加。中性模型表明，确定性过程（如宿主的选择作用）对土壤动物微生物组中独有微生物的形成具有重要的作用。这些结果表明，土壤动物是微生物生物多样性的主要储存库，且处于食物网顶端的土壤动物具有更高的微生物多样性和更多的独有微生物。这些认识对于生物多样性的保护具有重要作用。随着全球变化的加剧，大量研究已经显示土壤动物正在以前所未有的速度遭受灭绝，特别对于那些位于高营养级的动物。一旦土壤动物灭绝，其体内的独有的微生物也将面临灭绝。这一研究将对全球生

基于多组学技术的土壤线虫多样性与系统发育研究

薛清, 李红梅

南京农业大学植物保护学院 南京 2100095

qingxue@njau.edu.cn

线虫是土壤动物群落的重要组成部分。其种群数量庞大，食性多样，对维持土壤生态系统的平衡和健康有重要作用，常被用作评价土壤环境健康的指示生物之一。准确的土壤线虫种类鉴定不仅是研究和利用生物多样性的前提，也是物种进化、种群互作等机理研究的基础。现有的线虫鉴定一般以形态学特征为基础，而土壤线虫虫体通常透明，肉眼一般看不见，形态特征难以观测。同时，土壤线虫存在大量近似种，且部分种类具有形态可塑性、性二型等特征，实践中鉴定极为困难。基于核糖体 RNA，线粒体 COI 等基因的分子条形码及宏条形码技术已广泛应用于生物的鉴定中，并在多种类群中取得了较好的效果。但该方法目前难以用于线虫的准确鉴定，这主要是因为（1）分类人员缺乏，目前仅有约 10% 的已报道线虫种类具有分子序列且主要集中在寄生性线虫中。土壤中常见的矛线目线虫仅有不到 5% 的种类具有分子序列。（2）常用的数据库中存在大量非专业人士与宏条形码研究提交的序列，存在较多的错误。（3）此外，线虫种类繁多，现有的条形码基因各个类群间差异较大，通用引物设计困难，扩增成功率往往较低。土壤线虫分类鉴定上的困难已成为制约土壤生物多样性和生态系统研究的一个重要限制因素。

基于多组学技术，近年来我们团队在线虫多样性鉴定和系统发育方面取得了以下几方面进展：（1）完善线虫分子数据库，探索新的鉴定技术。开发了植物寄生线虫鉴定软件和数据库 PPNID，并提出了植物寄生线虫鉴定的新算法。拍摄了 2 万余张土壤线虫图片，并利用这些数据资源构建线虫表型组数据库 I-Nema，同时建立了基于图像的线虫人工智能识别网站 NemaRec。用户可以通过上传线虫图片完成 19 个常见土壤线虫的识别。（2）优化土壤线虫分子鉴定技术。探索并测试了在线虫中引入宏基因组分析方法的可能性。设计并测试了多种引物的工作效率。比较了样品采集方法、保存方法与保存时间对宏条码测序结果的影响。（3）建立了土壤线虫微量基因组、转录组测序和分析方法。目前能够通过 1-10 头个体获得线虫的基因组、线粒体基因组和转录组。利用这一技术，我们完成了 58 种线虫的全基因组测序，并首次利用基因组信息从线虫门的尺度解析了各种主要类群的系统发育关系。这一系列研究将传统的形态学技术与多种组学分析方法相结合，结果为土壤线虫的准确、快速鉴定提供理论依据和技术工具。

土壤病毒补偿宿主抵御铬胁迫的分子解毒机制

刘舒月¹, 时玉², 孙明明³, 黄丹¹, 叶茂^{1*}, 蒋新¹

¹中国科学院土壤环境与污染修复重点实验室(南京土壤研究所) 南京 210008;

²河南大学生命科学学院 开封 475004;

³南京农业大学资源与环境科学学院 南京 210008。

yemao@issas.ac.cn

污染土壤中,微生物群落装配以确定性过程筛选并富集降解菌,随机性过程促进群落功能冗余两种手段克服群落扰动,进而协助生态系统恢复与重建。然而,在土壤污染条件下,病毒与宿主细菌群落的装配机制尚未见报道。本研究在中国西北部以及中国西南部两个典型铬渣污染场地采集铬污染土壤(有效铬浓度为 0.11-465.4 mg/kg)。使用宏基因组及宏病毒组测序技术探究铬污染土壤中土著细菌及噬菌体群落装配特征。发现:1) 随土壤铬浓度增加,土著细菌分类水平 α 多样性下降 ($p<0.05$),但细菌基因 α 多样性变化则相对稳定 ($p>0.05$),且土著细菌物种与功能的丰度组成变化出现解耦现象,以上发现意味着细菌存在功能冗余;2) 土著细菌及病毒类群装配均由确定性过程主导。随铬污染浓度升高,土著细菌功能装配由随机性过程转为确定性过程(NST 值由 0.52 下降至 0.19),但病毒功能装配则呈现相反趋势(NST 值由 0.34 上升至 0.83),由此暗示细菌与病毒不同的抗逆策略;3) 噬菌体-宿主相互关系结果显示,细菌与病毒生态位宽度联系紧密且均呈下降趋势。基于 CRISPR 间隔序列以及 tRNA 匹配方法进行宿主预测,发现变形菌门及放线菌门为噬菌体主要宿主,且多价噬菌体比例随铬浓度升高而增加。迁移率结果表明,噬菌体较细菌而言较少受到扩散限制的影响,且噬菌体功能装配 NST 值与宿主 Simpson 指数呈显著正相关 ($p<0.05$)。说明在逆境条件下病毒功能装配的随机性有助于宿主实现功能冗余并向确定性方向演化,进而协助宿主抵御土壤中铬的逆境毒害。本研究从病毒与宿主细菌群落交互作用的角度,阐释了铬污染土壤中病毒与宿主细菌的装配机制,为深入理解和调控铬污染土壤中病毒与宿主细菌群落之间的相互关系,制定病毒-宿主偶联的微生物修复策略提供科学依据。

中国巨蚓科蚯蚓物种多样性的时空进化格局

蒋际宝¹, 孙静^{1,2}, 赵琦¹, 董彦^{1,2}, 袁柱^{1,3},

李佳丽¹, 金清¹, 高杏¹, 张亮亮^{1,4}, 李银生¹, 邱江平¹

¹上海交通大学农业与生物学院 上海 200240

²成都工业学院材料与工程工程学院 成都 610031

³上海健康医学院药学院 上海 201318

⁴浙江师范大学行知学院 金华 321000

jibao@sjtu.edu.cn

土壤生物多样性研究是土壤生态学的重要基础与热门方向。蚯蚓作为最重要的土壤动物之一,物种分类与进化历程还不明确,其多样性的特性、分布及动态等知识也存在着缺陷。我国最重要的、分布最广泛的蚯蚓类群是巨蚓科,其物种数占我国蚯蚓种数的 90% 左右。为验证巨蚓科物种分化是受土壤环境异质性及自身扩散共同驱动这一假说,我们通过对大量自然保护区的系统调查,并开展详细形态分类与鉴定工作,明确获得巨蚓科蚯蚓 517 个种(亚种),其中大量物种为新发现种,且优势类群是远盲蚓与腔蚓属;同时,测定样本线粒体 5

个基因以及基因组单核苷酸多态性位点，再开展系统发生地理学分析。研究结果表明，中国巨蚓科蚯蚓可能起源于中南半岛，随后主要向北、向东扩散到中国大多省份；物种辐射分化发生在新生代期间，物种形成、扩散过程与土壤环境因素（温度和降水）密切相关。此外，还发现巨蚓科物种形成可发生在小尺度空间内，即存在同域物种分化。这些结果为全球蚯蚓的进化研究提供了大量科学数据，并可为综合蚯蚓和环境因素开展更多蚯蚓生态学研究提供参考。

关键字：蚯蚓，巨蚓科，物种分化，扩散历程

第三代测序技术在微生物生态学中的应用

陈亮

中国科学院微生物研究所 北京 100101

chen318liang@163.com

随着第二代高通量测序技术的不断发展和改进，微生物在生态系统中的功能不断被发现和揭示。二代测序技术凭借其高通量、高准确率和低成本的特点，已经广泛应用于微生物多样性、微生物生物地理学及医学微生物等众多领域。但是随着研究的深入，二代测序技术的读长短的特点已经不能满足当前的一些研究目的。在此背景下，第三代测序技术应运而生，第三代测序技术又称单分子实时测序技术，测序过程无需进行 PCR 扩增，能够直接对单个 DNA 或 RNA 分子进行实时测序，目前主流测序平台以 PacBio 公司的 SMRT 技术和 Oxford Nanopore Technologies 公司的纳米孔单分子测序技术为代表。第三代测序技术具有超长读长、实时测序、设备成本低、便携式测序的技术优势，为微生物生态学的研究提供了另一个选择，能够进一步推进和加深微生物在生态学领域的功能研究。本文将简单介绍三代测序的技术特点和原理，以及其在微生物生态学、单菌的基因组组装以及宏基因组中的研究应用和进展，以期为研究者选择合适的研究方法进行微生物生态学的研究提供依据。

关键字：微生物生态、第三代测序技术、PacBio 测序、ONT 测序

干旱对亚森林土壤甲烷氧化菌多样性的影响

周小奇

华东师范大学生态与环境科学学院 200241 上海

xqzhou@des.ecnu.edu.cn

大气甲烷（CH₄）是仅次于二氧化碳（CO₂）第二大温室气体，贡献大约 25% 的全球温室效应。森林是最大的陆地生态系统甲烷汇，但干旱对森林 CH₄ 汇的影响及其内在的微生物机制仍所知甚少。

基于此，我们对干旱胁迫下亚热带森林 CH₄ 汇进行了为期 3 年的原位观测，发现干旱显著增加了土壤 CH₄ 汇，但干旱并没有明显改变甲烷氧化菌潜在活性与多度；宏基因组测序分析发现干旱也没有明显改变甲烷氧化菌群落组成。通过 ¹³C-CH₄ 标记结合宏基因组分析，我们发现活跃的甲烷氧化群落以 Methylosinus 属为主。结构方程模型分析表明，干旱的直接途径（如土壤通气性的增加）超过了干旱引起的间接途径（如甲烷氧化菌群落结构

和多样性), 从而驱动了亚热带森林 CH₄ 汇。

我们的工作探究了干旱对亚热带森林 CH₄ 汇的影响及其驱动机制, 为准确模拟未来干旱情景下森林 CH₄ 汇的变化提供了理论依据。

土壤动物知识图谱构建理论方法与技术实践---以浙江 天目山土壤螨为例

高梅香^{1,2}, 朱家祺^{1,2}, 刘爽¹, 程鑫³, 刘冬⁴, 张健⁵, 李彦胜^{3*}

1. 宁波大学地理与空间信息技术系 宁波 315211;

2. 宁波市高等学校协同创新中心“宁波陆海国土空间利用与治理协同创新中心” 宁波 31521;

3. 武汉大学遥感信息工程学院 武汉 430079;

4. 中国科学院东北地理与农业生态研究所湿地生态与环境重点实验室 长春 130102;

5. 华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241

gaomeixiang@nbu.edu.cn

土壤动物学面临以全新知识体系为科学研究框架的变革时期, 其核心内容是以数据驱动为主要特征的人工智能技术方法。目前广泛应用的基于数据库的数据处理分析方法, 面临着数据多源异构、快速增长和处理能力不足之间的矛盾。基于快速发展的大数据科学和人工智能技术的数据挖掘方法在解决前述矛盾中有突出优势, 但需要依赖一个强大的领域知识库, 然而土壤动物领域知识图谱的研究十分匮乏。土壤动物知识图谱是一个具有有向图结构的知识库, 其中图的节点代表与土壤动物相关的实体或概念, 图的边代表实体或概念之间的各种语义关系。本文提出了土壤动物知识图谱的定义、内涵、理论模型和构建方法, 以浙江天目山土壤螨多样性为例, 分析了构建山地土壤动物知识图谱的技术方法; 以土壤动物多样性研究关注的物种分布、物种共存、环境条件对物种的影响作用为例, 探讨了基于山地土壤动物知识图谱可以解决的相关科学问题。研究表明, 土壤动物知识图谱在解决生物多样性重要科学问题方面具有独特的潜力和优势, 有力推动了土壤动物学、信息科学和数据科学交叉的土壤动物信息学的发展。

Land snail invasion homogenizes seasonal differences in soil biodiversity in tropical coral islands

Wenjia Wu^{1,2}, Jun Wang^{1,2}, Biyue Yan^{1,2,3}, Zhijian Mou^{1,2,3}, Ye Yuan^{1,2,3}, Yue Li^{1,2}, Jing Zhang^{1,2}, Luhui Kuang^{1,2,3}, Hongyue Cai^{1,2,3}, Shuguang Jian^{1,2}, Hongfang Lu^{1,2}, Hai Ren^{1,2}, FuChun Tong⁴, Zhanfeng Liu^{1,2,3*}

1 Key Laboratory of Vegetation Restoration and Management of Degraded Ecosystems & CAS Engineering Laboratory for Vegetation Ecosystem Restoration on Islands and Coastal Zones, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou, China

2 South China National Botanical Garden, Guangzhou 510650, China

3 College of Resources and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

4 South China Agricultural University, Guangzhou, China

liuzf@scbg.ac.cn

Biological invasion is one of the most important ecological disturbances that threaten soil biodiversity which occupies most of the biodiversity on Earth and is key for the stability and multifunctionality of the ecosystem. But studies focus more on the effects of biological invasion on the aboveground ecosystem than on soil biodiversity. It is well known that soil properties are one of the determinants for shaping soil biodiversity, while their relative impact and especially their interactions with biological invasion on soil biodiversity across the season remains unknown. Here, we investigated the effects of giant African snail (*Achatina (Lissachatina) fulica* Bowdich, 1822) invasions on soil biodiversity (microbes, nematodes, and mites) in forest ecosystems of tropical coral islands and linked biotic changes to those in soil properties across dry and wet seasons. We found that snail invasion altered soil biodiversity in a way often dissimilar to those of season. Fungal abundance, alpha diversity of microbes, and abundances of bacterivorous, fungivorous, plant feeding, and total nematodes were increased in dry and decreased in the wet season when snails invaded. The abundance and alpha diversity of mites were increased, while the activities of microbial enzymes were decreased by snail invasion in both dry and wet seasons. Snail invasion homogenized the seasonal differences in the community composition of nematodes, the ratio of Gram-positive to Gram-negative bacteria, and the ratio of fungi to bacteria. Soil moisture, the concentration of SOC, available phosphorus, and available potassium were important factors explaining the variation of soil biodiversity under snail invasion, particularly, the changes in fungi and nematodes coincided with altered soil moisture. These results together indicated that snail invasion weakens the impacts of seasonality on soil biodiversity by altering soil resource availability. The findings from our study would improve our understanding of the influences of biological invasions on the terrestrial ecosystem functioning of tropical coral islands.

Keywords

Biological invasion, snail, soil biodiversity, tropical island

盐度对亚热带旱地 N₂O 通量及其功能微生物多样性的影响

董明秋, 周小奇*

华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241

xqzhou@des.ecnu.edu.cn

长期温室大棚种植导致的次生盐渍化已经成为影响作物产量和土壤功能(如氧化亚氮排放(N₂O))的主要因素, 但我们对盐胁迫下土壤 N₂O 排放的变化及其微生物过程仍所知甚少。

本研究对出现盐渍化的温室种植土壤进行了为期一个作物生长季的原位 N₂O 通量观测试验, 并通过室内 15N 同位素标记实验测量硝化, 反硝化速率。使用高通量 qPCR 分析了 N 循环相关功能基因丰度变化。结果表明, 土壤盐度显著促进了土壤 N₂O 排放(P<0.001), 且 N₂O 排放的增加主要来自硝化过程, 而不是反硝化过程。但我们发现, 随着土壤盐度增加, N 循环相关基因丰度呈下降趋势, 与土壤 N₂O 排放潜能的变化呈现不一致的趋势。这可能是由于盐胁迫下土壤微生物会将更多的能量用以维持自身的新陈代谢, 使得土壤 N₂O 排放与 N 循环相关功能基因丰度之间的关系解耦。此外, 结构方程模型显示, 土壤盐度和地上生物量是驱动土壤 N₂O 排放的重要因素。

这些研究结果提高了我们对盐胁迫下土壤氮循环及其相关微生物过程的认识, 考虑到全球盐胁迫的广泛性, 有必要将盐度纳入全球 N₂O 排放模型。

针茅根际土壤微生物群落多样性及其驱动力

姜晓茹, 连植, 闫冬卿, 麻扬, 樊燕燕, 刘晓清, 牛建明*

内蒙古大学生态与环境学院, 内蒙古呼和浩特市 010070

jiangxiaoru1995@163.com

根际是植物与土壤进行物质交换的重要场所, 也是土壤微生物活动的“热区”, 影响地上植物多样性和生态分布, 对陆地生态系统的功能起着重要作用。本论文利用高通量测序技术, 分析了在我国境内不同类型草原上采集的贝加尔针茅 (*Stipa baicalensis*)、大针茅 (*S. grandis*)、克氏针茅 (*S. krylovi*) 与小针茅 (*S. klemenzi*) 不同群体根际土壤样品, 研究根际土壤细菌与真菌群落特征及其与环境因子的关系。结果表明: (1) 针茅群体根际土壤细菌群落主要以酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、变形菌门 (*Proteobacteria*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、放线菌门 (*Actinobacteria*) 为主, 真菌群落主要为子囊菌门 (*Ascomycota*) 和担子菌门 (*Basidiomycota*), 子囊菌门占比达 50% 以上, 针茅群体根际土壤细菌优势菌门的变异程度大于真菌; (2) 四种针茅的群体均可划分为东部 (分布于内蒙古高原与黄土高原) 和西部 (分布于河西走廊、青藏高原和新疆) 两组, 表明针茅根际土壤微生物群落组成与结构的主要分异发生在群体之间, 经度成为驱动区域尺度四种针茅群体根际土壤微生物群落组成、结构和 α 多样性的主要因子; (3) 生长季内的水分状况对四种针茅群体根际土壤细菌、真菌群落组成和结构均具有重要影响, 生长季内的热量状况影响四种针茅群体根际土壤细菌群落组成与结构, 然而其对真菌群落的作用较小; (4) 土壤 pH 值、有机碳含量、机械组成在决定四种针茅群体细菌、真菌群落组成与结构中均发挥主要作用, 土壤氮磷含量还影响到四种针茅群体真菌群落的组成与结构。综上所述, 同种针茅不同群体的根际土壤微生物群落空间分异

明显,可能与的长期演变有关;同时,四种针茅分别为降水梯度下发育的不同草原植被地带的建群种,气候—土壤—植被系统的差异导致根际土壤微生物群落特征在不同针茅物种之间发生改变。本项研究深化了对草原土壤微生物群落构建机制的认识。

沙障对流动沙丘区地表节肢动物分布及多样性的影响

王永珍^{1,2}, 林永一^{1,2}, 冯怡琳³, 赵文智^{1,2}, 刘继亮^{1,2*}

1 中国科学院西北生态环境资源研究院 兰州 730000

2 中国科学院大学 北京 100049

3 宁夏大学 银川 750021

沙障作为人工固沙植被恢复与保护绿洲和道路安全的一种手段,可以有效阻止沙丘移动,改变流动沙丘地表生态水文过程,进而影响节肢动物多样性及营养结构及功能变化。鉴于此,选取临泽县中部沙带为研究区,利用陷阱法系统调查了生物、物理沙障和流动沙丘区沙丘不同部位地表节肢动物分布及多样性。研究结果表明,沙障营建强烈影响了流动沙丘区地表节肢动物组成,生物和物理沙障区地表节肢动物的活动密度、物种丰富度及多样性均显著高于流动沙丘区,捕食性和其它食性节肢动物较植食性节肢动物对沙障营建的响应更为敏感。沙障还改变了沙丘地表节肢动物的分布规律,生物和物理沙障区地表节肢动物的活动密度从沙丘底部到顶部依次增加,而流动沙丘区地表节肢动物主要分布在沙丘中下部。谢氏宽漠王和尖尾东螯甲在流动沙丘区主要分布沙丘的中下部,沙障营建导致沙丘顶部谢氏宽漠王和尖尾东螯甲的活动密度大幅提高。此外,研究还发现生物和物理沙障对地表节肢动物的影响不同,生物沙障区地表节肢动物活动密度显著高于物理沙障区,捕食性和东螯甲属等其它食性节肢动物的活动密度在生物沙障区均高于物理沙障区。总之,沙障营建及类型差异强烈影响地表节肢动物的分布及多样性,它通过资源上行效应和土壤物理环境的改变提高了地表节肢动物的多样性及营养结构,从而影响了土壤生态系统结构及功能变化过程。

戈壁生态系统荒漠收获蚁蚁穴对动物多样性的影响

冯怡琳¹, 王永珍², 林永一², 赵文智^{1,2}, 高俊伟³, 刘继亮^{2*}

1 宁夏大学生态环境学院 西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地/西北退化生态系统恢复与重建教育部重点实验室 银川 750021;

2 中国科学院西北生态环境资源研究院 中国生态系统研究网络临泽内陆河流域研究站 兰州 730000;

3 临泽县治沙试验站 临泽 734200)

yilinfeng1998@163.com

收获蚁蚁穴是戈壁生态系统中重要的微生境,它通过汇集凋落物和改善土壤环境强烈影响动植物的分布及多样性。鉴于此,本文选择戈壁荒漠收获蚁(*Messor desertus*)蚁穴为研究对象,于2020年5月、6月和10月利用陷阱法调查了蚁穴及毗邻裸地大型土壤动物的种类组成及数量变化,并分析其影响要素。结果表明:(1)10月,蚁穴和裸地间大型土壤动物群落组成存在显著差异,而5月和6月二者间相差较小,10月(62.9%)蚁穴和裸地大型土壤动物的平均相异性高于5月和6月(34.8%和39.3%);(2)5月,蚁穴大型土壤动物均匀度指数显著低于裸地,6月,蚁穴大型土壤动物活动密度和类群丰富度均显著高于裸地,10月,蚁穴大型土壤动物类群丰富度和多样性指数均显著高于裸地;(3)荒漠收获蚁蚁穴显著提高了其他食性

土壤动物的活动密度及类群丰富度, 还增强了捕食性和非捕食性土壤动物的相互作用关系并改变了荒漠收获蚁与蚁穴大型土壤动物类群的种间相互作用关系; (4) pRDA 排序结果表明, 土壤电导率、全氮和粉粒含量变化是影响蚁穴和裸地大型土壤动物分布的主要土壤因子。总之, 戈壁生态系统荒漠收获蚁穴微生境提高了脊椎动物和大型土壤动物多样性, 改变了大型土壤动物类群间的营养和非营养关系, 这会影响大型土壤动物的营养结构及其功能。

关键词: 戈壁; 荒漠收获蚁; 蚁穴; 大型土壤动物; 营养结构

Effects of organic fertilizer replacement for plant vegetable fertilizer on soil nematode community and ecological function

ZhangLi1

College of Life Sciences, Tianjin Normal University, Tianjin 300387, China
1104356223@qq.com

It is of great significance to solve the problem of soil continuous cropping obstacles in the process of planting facility vegetables and find an effective land management method that can improve soil fertility, so as to realize the sustainable development of facility vegetables. In this study, organic fertilizer was used to replace chemical fertilizer in the greenhouse of facilities in Wuqing District of Tianjin. A total of 8 treatments were set up: 1) CK: no fertilization; 2) NPK: recommended dosage of NPK fertilizer; 3) MN: commercial organic fertilizer; 4) 2/4CN+2/4MN: 2/4 chemical fertilizer +2/4 organic fertilizer; 5) 2/4CN+ 2/4MN +MA: 2/4 chemical fertilizer +2/4 organic fertilizer + amendment; 6) 2/4CN+1/4 MN +1/4 SN +MA: 2/4 chemical fertilizer +1/4 organic fertilizer +1/4 corn straw + amendment; 7) SC: Chemical fertilizer (50%N) + organic matrix; 8) CF: farmers are used to fertilizing. The results showed as follows: (1) Compared with NPK treatment, soil organic matter content in M and 2/4CN+1/4 Mn +1/4 Sn +MA treatments increased by 47.73% and 33.08%, respectively, and bulk density decreased by 13.83% and 9.57%, respectively. (2) The yield of cucumber under NPK treatment was the highest. The yield of organic substitute treatment decreased but the contents of VC, soluble total sugar and soluble solid increased. The yield of cucumber under SC treatment was the lowest but the quality was the best. (3) CF and 2/4CN+1/4 Mn +1/4 Sn +MA were the most abundant soil nematode species, followed by M and 2/4CN+2/4MN. Acrobeloides was present in each treatment and their relative abundance was high. (4) CF treatment had the highest Shannon-Wiener index, Pielou evenness index and Simpson dominance index, and the correlation among genera was the strongest, followed by M and 2/4CN+1/4 Mn +1/4 Sn +MA treatment. NPK treatment significantly decreased the diversity of nematode community, and the ecological environment became worse. (5) Redundancy analysis of soil physicochemical factors and nematode communities showed that pH, AP and Wc played major roles in soil nematode communities. The results showed that the soil nematode community was regulated by the input changes of organic fertilizer, and the effect of organic fertilizer combined with straw was greater than that of organic fertilizer combined with amendments. In conclusion, as an effective way to improve soil quality, organic fertilizer combined with straw application can be widely used in facility vegetable cultivation.

Key words: Ecological functions, Facilities cucumber, High throughput sequencing, Nematode communities, Organic substitution

宁夏荒漠草原土壤细菌与真菌群落对自然降水变化的响应

米扬

宁夏大学生态环境学院 银川 750001

827556516@qq.com

土壤微生物是陆地生态系统的重要组成部分,细菌和真菌作为土壤主要微生物类群,其在荒漠草原生态系统中随自然降水梯度变化的响应是否一致仍不清楚。为揭示自然降水变化对细菌和真菌群落的影响机制,选取宁夏具有不同降水特征的 T0、T1、T2 和 T3 这 4 个荒漠草原国家监测点作为观测样地,各样地近 3 年平均降雨量分别为 231mm, 154mm, 137mm 和 114mm。利用 Illumina 高通量测序技术,开展了降水变化对荒漠草原土壤细菌和真菌群落的影响差异研究。结果表明:荒漠草原土壤细菌总 OTUs 和真菌总 OTUs 总体上均表现为随降水梯度的下降呈先上升后下降趋势。荒漠草原土壤细菌类群的主要优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteria),土壤真菌类群的主要优势菌门为子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)。降水变化对细菌和真菌不同微生物类群影响结果不一,降水变化对细菌优势菌门(变形菌门、放线菌门、酸杆菌门)和部分非优势门(疣微菌门 Verrucomicrobia)相对丰度影响显著($P < 0.05$);真菌优势菌门(子囊菌门、担子菌门)相对丰度受降水变化影响不显著,但非优势菌门(球囊菌门 Glomeromycota)相对丰度受降水变化影响显著。降水与 T0 处理相比, T1、T2 和 T3 处理下细菌和真菌的丰富度指数(Chao1 指数和 ACE 指数)显著升高,细菌的香浓多样性指数也显著升高,但真菌的香浓多样性指数没有发生显著变化。细菌群落和真菌群落对环境因子的偏好不同,驱动细菌群落变化的环境因子为氮素和磷素,驱动真菌群落变化的环境因子为土壤磷素和有机质。植被因子(生物量)和土壤因子(土壤养分)降水共同参与解释了降水变化对土壤细菌群落和真菌群落的调控过程,其中土壤因子起主导作用。我们的研究表明,土壤细菌和真菌群落对生物和非生物因子的变化有不同的响应,反映了荒漠草原微生物应对降水变化具有不同适应策略。

关键词 荒漠草原; 降水变化; 微生物群落; 适应策略

间作作物种间相互作用对土壤细菌群落的影响

姜琴芳^{1,2}, 伏云珍^{1,2,3}, 李倩^{1,2,4}, 马琨^{1,2*}

1. 宁夏大学西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地 银川 750021;

2. 西北退化生态系统恢复与重建教育部重点实验室 银川 750021;

3. 商洛学院 商洛 726000

4. 延安市农业科学研究所 延安 716000;

15248161495@163.com

为揭示作物种植模式对土壤细菌群落组成和功能差异的影响机制,利用田间定位试验,基于宏基因组方法,开展了连续单作马铃薯(P)、单作玉米(M)、间作下马铃薯(IP)、间作下玉米(IM)作物根际土壤细菌群落组成和功能差异研究,分析了土壤细菌群落结构、功能与土壤性状、间作作物产量间的相互关系。结果表明:与对应单作处理相比,玉米、马铃薯间作整体上具有产量优势。土壤变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes)为不同处理下细菌优势菌群;属分类水平上链霉菌属(*Streptomyces*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、伍氏束縛菌属(*Conexibacter*)、伯克氏菌属(*Burkholderiales*)、藤黄色杆菌属为优势菌属。马铃薯单作及间作处理下根际土壤鞘脂单胞菌属相对丰度均显著高于玉米处理($P<0.01$)。通过KEGG数据库不同功能层的功能预测表明,不同处理得到455个三级功能层和9636个四级功能层(功能类别),其中参与C、N循环的通路数最多。相关性分析表明,土壤含水量(SOW)、土壤呼吸强度(RI)和速效磷(AP)对根际土壤细菌群落组成及功能代谢具有积极影响;SOW、RI和AP与功能类别中K01990和K06147均有正或负的显著或极显著相关性。连续6年马铃薯、玉米间作及单作下作物根际土壤细菌群落组成和功能的变化是由作物种间关系变化驱动土壤养分、土壤微生物功能代谢差异影响得。

关键字: 马铃薯, 玉米, 土壤细菌, 宏基因组, 群落与功能

西藏昆虫病原真菌多样性研究

钱礼尧 1, 李奇 1, 朱权辉 1, 博拉 1, 周永洪 1*

西藏大学青藏高原生态研究中心 拉萨 850000

zyh800623@163.com

昆虫病原真菌是指能够主动侵入昆虫体内寄生,并能引起昆虫发病致死的一类真菌,在自然界中起着调控昆虫种群数量和维护生态平衡的重要作用,可被开发成微生物杀虫剂,用于农、林、牧业及卫生害虫的生物防治,达到取代化学农药,保护生态环境的目的。迄今已报道的昆虫病原真菌约100属、800余种,我国也已有40多个属、400多种;青藏高原是我国重要的生态安全屏障,也是地球上生物多样性最丰富的地区之一,但目前在青藏高原地区很少有人对昆虫病原真菌进行研究,对于其种属多样性组成情况尚不清楚,为此本课题组对作为青藏高原主体的西藏地区开展了昆虫病原真菌多样性的系统调查。我们将采样点随机设置在交通工具可以到达的农田、森林、草地(甸)、湿地、河边、湖畔、盐碱地、流石滩等生态环境。主要通过野外翻找石块和草皮寻找罹亡昆虫的方法进行样本采集,对于无法找到罹亡昆虫的样点则采集土壤带回实验室,利用黄粉虫作为诱饵对土壤中的昆虫病原真菌进行诱集。本研究的采样点覆盖了西藏所有74个区县,海拔跨度为1400-5300 m,共采集罹亡昆虫样本541份、土壤样本653份。经平板划线法对真菌进行分离纯化后,利用ITS测序及同源比对法进行菌种的分子鉴定。结果显示总共分离得到512株昆虫病原真菌,鉴定为36个属、74个种;出现频率最高的是白僵菌属(*Beauveria*. sp),包括球孢白僵菌(*B. bassiana*)、亚洲白僵菌(*B. asiatica*)、瓦氏白僵菌(*B. varroae*)、假球孢白僵菌(*B. pseudobassiana*)等4种菌,其中球孢白僵菌有209株,是出现频率最高的菌种;镰刀菌属(*Fusarium*. sp)有81株,是检测到种类最多的属,包含茄病镰刀菌(*F. solani*)、燕麦镰刀菌(*F. avenaceum*)、芬芳镰刀菌(*F. redolens*)、木贼镰刀菌(*F. equiseti*)、锐顶镰刀菌(*F. acuminatum*)、三线镰刀菌(*F. tricinctum*)、尖孢镰刀菌(*F. oxysporum*)、藤仓镰刀菌(*F.*

fujikuroi)、接骨木镰刀菌(*F. sambucinum*)、节镰刀菌(*F. merismoides*)、多裂镰刀菌(*F. polyphialidicum*)、厚垣镰刀菌(*F. chlamydosorum*)等 19 个种;其它检测到的种类还包括金龟子绿僵菌(*Metarhizium anisopliae*)、马昆德绿僵菌(*M. marquandii*)、蝉拟青霉(*Paecilomyces cicadae*)、淡紫紫孢菌(*Purpureocillium lilacinum*)等常见的昆虫病原真菌。通过构建系统发育树分析发现,分离所得的白僵菌属菌株在海拔 2000 米到 5200 米均有分布,ITS 基因相似度较高,遗传差异较小,具有更近的亲缘关系。通过温度梯度实验,发现白僵菌属温度适应范围更广,在 10°C 到 30°C 范围内长势均比其它昆虫病原真菌要好,其最适生长温度为 25°C。经过产孢测定和毒力检测,最终筛选到 5 株杀虫效率高、产孢能力强的优良菌株。这些工作的开展为青藏高原地区本土昆虫病原真菌资源的进一步开发利用奠定了基础。

关键词: 昆虫病原真菌; 西藏地区; 生物多样性; 优良菌株

专题 3. 森林生物多样性（召集人：王绪高、陈 磊）

大型森林固定样地及其对长期生态学研究的意义

郝占庆

西北工业大学生态环境学院 西安 710129

zqhao@nwpu.edu.cn

在自然科学中，创立方法，建立科研平台等重要的研究条件，往往要比发现个别事实更有价值。自 1980 年全球第一块大型森林固定样地（BCI 样地，50 公顷）在巴拿马热带森林建立以来，森林大样地对推进生物多样性维持与群落构建机制研究方面，发挥了无可比拟的作用。2004 年，我们在长白山温带针阔混交林建立了国内第一块面积 25 公顷的大型森林样地，18 年来的研究与实践，我深刻认识到大样地不仅仅是开展生物多样性动态变化监测的基地，更是开展长期生态学综合研究的理想平台。本报告从方法论的角度，以数据信息的长期、连续、定位获取和系统分析为主轴，针对长期与定位、实验与观测、部分与整体、归纳与演绎、确定与随机等这些生态学研究常常遇到的问题，森林大样地发挥怎样的作用，进行分析与讨论。

Conspecific, intraspecific genetic and interspecific phylogenetic neighborhood effects on the growth of a dominant canopy species, *Pometia pinnata*

Shao Xiaona, Zhiliang Yao, Lin Luxiang

Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences Menglun 666303

shaoniao@xtbg.ac.cn

Theory and numerous studies have shown that stronger conspecific negative density dependence (CNDD) than heterospecific negative density dependence (HNDD) plays a fundamental role in promoting stable co-existence of species. However, neighbor relatedness may increase the effects by competing for same resources, and study considered the effects of both intraspecific and interspecific relatedness on species coexistence is lacking. In this study, we examined the relative importance of CNDD, HNDD, genetic negative density dependence (GNDD), phylogenetic negative density dependence (PNDD) and abiotic variables on growth of a tropical tree across life stages in two tropical seasonal rain forests in Southwest China by using generalized linear mixed-effects models (GLMMs). We found that both abiotic and biotic variables showed significant effect on tree growth, but the relative importance varied in different life stage and sites. In the forest where the focal species is dominant (NBH plot), the significant CNDD contribute to tree growth in most scales at both juvenile and adult stages and significant PPDD (phylogenetic positive density dependence) was only found at both juvenile stages, while the effect of heterospecific neighbourhood relatedness on the growth at adult stages was related to abiotic variables: the positive effect decreases with the resource richness. However, the genetic

relatedness of conspecific neighbors showed insignificant effect on tree growth, and its interaction with abiotic variables was significantly positive in some scales. In the forest where the focal species is not dominant (BB plot), CNDD and PPDD both contribute to the individual growth, while the biotic variables showed insignificant effect. Overall, our results demonstrate that CNDD, PPDD and biotic variables all influence tree growth, and each factor may act on the growth of individuals from the same species in a similar way. Our results highlight the importance of combine abiotic variables, biotic variables and multiple life stages when investing the factors that affect tree growth and species coexistence in tree communities.

Multidimensional beta diversity across local and regional scales in a Chinese subtropical forest: the role of forest structure

Zhiliang Yao

Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences
Menglun, Mengla, Yunnan 666303, China
yaozhiliang@xtbg.ac.cn

Beta diversity, or the spatio-temporal variation in community composition, can be partitioned into species turnover and nestedness components in a multidimensional framework. Forest structure, including comprehensive characteristics of vertical and horizontal complexity, dramatically affects species composition and its spatial variation. However, the effects of forest structure on beta diversity patterns in multidimensional and multiple-scale contexts are poorly understood. Here, we assessed beta diversity at local (a 20-ha forest dynamics plot) and regional (a plot network composed of 20 1-ha plots) scales in a Chinese subtropical evergreen broad-leaf forest. We then evaluated the relative importance of forest structure, topography, and spatial structure on taxonomic, functional, and phylogenetic beta diversity and its turnover and nestedness components at local and regional scales. We derived forest structural parameters from both unmanned aerial vehicle light detection and ranging (UAV LiDAR) data and plot inventory data. Species turnover components dominated total beta diversity for all dimensions at the two scales. With the exception of some components (taxonomic and functional turnover at the local scale; functional nestedness at the regional scale), environmental factors (i.e. topography and forest structure) contributed more than pure spatial variation. Explanations of forest structure for patterns of beta diversity and its components at the local scale were higher than at the regional scale. At the local scale, the joint effects of spatial structure and forest structure influenced component patterns in all dimensions (except for functional turnover) to some extent, while at the regional scale, pure forest structure influenced taxonomic and phylogenetic nestedness patterns to some extent. Our results highlight the importance and scale dependence of forest structure in shaping patterns of multidimensional beta diversity and its components. Clearly, further studies need to link forest structure directly to ecological processes (e.g. asymmetric light competition, disturbance dynamic) and explore its roles in biodiversity maintenance.

Keywords: beta diversity partition; LiDAR; scale dependence; species turnover; subtropical evergreen broad-leaved forest

Plant β - diversity and deviation captured by spectrum

Ruyun Zhang^{1,2}, Jian Zhang¹, Dingliang Xing^{1,2*}

¹Zhejiang Tiantong Forest Ecosystem National Observation Research Station, School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China

²Institute of Eco-Chongming (IEC), Shanghai 202162, China

Monitoring and estimating plant diversity remains a significant challenge. Remote sensing technology is becoming a potential and powerful approach to predict plant diversity especially across larger spatial extent and longer temporal period. Here we use multispectral data acquired by Sentinel-2 satellites and 36 field survey data in a national natural reserve in eastern China to show that remote sensing data have a potential to predict plant canopy β diversity. The relationship between spectral β - and plant β - diversity was seasonally dependent. Images from early spring and late autumn performed best, followed by winter, and images from summer performed least well, highlighting the important role of phenology in remote sensing of plant diversity. Remote sensing data performed better for abundance-based β metrics (R^2 ranges from 0.49 to 0.62) than incidence-based β metrics (R^2 ranges from 0.26 to 0.37), and it was more sensitive to dominate species than rare species. However, the predictive power of remote sensing data for plant β deviation was relatively weak, and showed an opposite trend when comparing with β diversity. This study demonstrates the potential of Sentinel-2 data for predicting β diversity and deviation, and provides some guidelines for improving the predictive power of remote sensing data, paving the way for predicting plant β diversity at larger scale and exploring community assembly mechanisms using remote sensing data.

Keywords: multispectral remote sensing, β diversity, β deviation, season-dependent

温带针阔混交林草本多样性时空变异及其影响机理

尹进

中国科学院沈阳应用生态研究所 沈阳 110016

yinjin18@mails.ucas.ac.cn

林下草本为温带森林植物多样性的主要来源，具有高度的时空变异性，然而针对温带森林草本多样性的时空变异及其影响机理的研究仍较为缺乏。基于此，我们依托长白山阔叶红松林 25 ha 样地，通过对样地内 450 个 1 m×1 m 样方中草本一年内三个季节的调查研究，结合地形（海拔、坡度和坡向）、邻域三维冠层结构（水平、垂直和内部结构复杂性）和多样性以及微生境条件（光的可利用性、光质、土壤养分和土壤水分）等因素，探讨样地内草本的空间变异及其季节动态，进而揭示其关键影响机理。结果表明：草本多样性呈现出明显的季节动态，即春季>夏季>秋季，且不同样方的变异程度存在明显的差异。同样地，草本多样性也呈现出较大的空间变异，且这种变异存在明显的季节性差异，夏季最高达 17 倍，秋季 13 倍，春季 9 倍。其中，春季主要受微生境中环境资源（光的可利用性和养分可利用性）的影响，资源越丰富，草本多样性越高；夏季则主要受邻域三维冠层结构和多样性的影响，结构越复杂，草本多样性越低，且这种影响受土壤养分的调控；秋季则主要受邻域三维冠层结构中水平结构复杂性和微生境中土壤养分和土壤水分的影响，水平结构复杂性越低、土壤养分和土壤水分越高，草本多样性越高。虽然草本多样性的时间变异主要受季节性驱动

的林下光的可利用性变化的影响,但不同样方的时间变异程度主要受地形和邻域三维冠层结构和多样性的影响,即地形越复杂、邻域三维冠层结构越复杂和多样性越高,草本多样性变异程度也就越大。值得注意的是,微生境的影响与其对时间变异和空间变异的影响不同,当微生境条件越有利于草本植物,草本多样性的变异程度反而越低。综上,草本多样性时空变异的影响机理具有较大的差异,表明草本多样性的维持机制在局域尺度上存在高度的时空差异。本研究从草本植物的角度加深我们对森林植物多样性维持机制的理解,从而为森林植物多样性保护提供理论依据。

关键词: 草本多样性, 时空变异, 地形, 三维冠层结构, 微生境条件

基于功能性状和系统发育的茂兰亚热带喀斯特植被不同演替阶段群落构建机制

胡宏芬^{1,2}, 安明志^{1,2*}, 田力^{1,2}, 王琨^{1,2}, 刘锋^{1,2}, 王艺然^{1,2}

贵州大学林学院, 贵阳 550025 贵州大学生物多样性与自然保护研究中心, 贵阳 550025

249086617@qq.com

群落构建机制是群落生态学研究的核心内容,基于功能性状和系统发育对茂兰喀斯特地区不同演替阶段植物群落构建机制进行研究,对喀斯特地区植被恢复与重建具有一定科学参考意义。本文以茂兰喀斯特地区七个不同演替阶段的典型群落为研究对象(石漠化阶段、草本群落阶段、灌草群落阶段、灌木灌丛阶段、乔灌过渡阶段、乔林阶段及顶极常绿落叶阔叶混交林阶段),基于功能性状树和系统发育树,检验功能性状的系统发育信号,分析不同演替阶段物种、功能、系统发育多样性和功能性状、系统发育结构的变化。结果表明:(1)8个功能性状都具有比零模型更低的系统发育信号($K < 1$),但除生活型(GF)外都具有显著的系统发育信号($P < 0.05$)。(2)物种、功能和系统发育多样性的变化不完全相等,除种间平均最近相邻谱系距离(MNTD)外,整体呈先升高后降低或一直升高的趋势,乔林阶段(VI)出现峰值和异常值的概率最高。(3)功能性状结构随演替进行先发散后聚集,而系统发育结构发散、聚集再发散。表明在茂兰喀斯特地区,生境过滤和种间竞争排斥作用主导了不同演替阶段的植物群落构建机制,并且物种功能性状与系统发育格局之间不具有 consistency。

关键词: 功能性状; 系统发育; 群落构建机制; 演替; 喀斯特

Competition promotes greater intraspecific trait variability in inferior than superior species

Jing Yang, Guochun Shen

East China Normal University, Shanghai 200062

jyang@des.ecnu.edu.cn

Recent theory shows that intraspecific variability can either promote or inhibit species coexistence, depending on the relative magnitude of intraspecific variability between two competing species. For a specific pair of two competing species, only when the competitively inferior species has

greater variability than the superior can intraspecific variability (refer the extent of intraspecific trait variation, e.g. hypervolume) facilitate coexistence. Yet, whether intraspecific variabilities of competing species have such differences remains unverified. We conducted a seedling experiment with eight pairs of tree species. For each pair, we determined the relative competitive abilities of species by comparing the average total biomass of seedlings grown alone (no competition) and paired (with competition); species with lower mean log response ratio under competition is called the inferior species and the other species is called the superior in this pair. Intraspecific variabilities were estimated for both species in each pair by the hypervolume size of seven key functional traits in 1320 seedlings and were compared between inferior and superior species in each pair. For eight pairs of species, six pairs had significantly greater intraspecific trait variability in inferior than in superior species in the absence of competition. While under competition, not only did all inferior species have greater intraspecific variability, but also the difference in variability among competing species in each pair was significantly larger. Further analyses showed that the above changes were driven by different plastic responses to competition between inferior and superior species. Competition induced more intraspecific variability in inferior than in superior species, indicating that inferior species are more sensitive to competition than superior species in terms of changes in intraspecific variability. Our findings provide substantive support for the expectation that inferior species have greater intraspecific trait variability than superiors, especially when subjected to strong competition. The different plastic responses to competition can enhance the difference in intraspecific variability between inferior and superior species. Our results thus highlight the importance of phenotypic plasticity, as well as different plastic responses to competition among species, in fully understanding the role of intraspecific variability on species coexistence. **KEYWORDS:** intraspecific trait variability, plastic response, competitive suppression, inferior species, superior species.

多物种共存与土壤微生物群落：基于结构化方法

储诚进

中山大学生态学院 深圳 518107

chuchjin@mail.sysu.edu.cn

土壤微生物群落在植物物种共存和生物多样性维持过程中起着重要的作用,大量实验证据表明土壤微生物是物种共存的潜在驱动因素,但如何量化土壤微生物群落的影响是该研究领域里的关键和挑战。研究人员提出了不同的理论框架来试图解决这个问题,包括基于植物-土壤反馈的概念框架、基于当代物种共存理论的概念框架以及基于结构稳定性的概念框架。将简略介绍每一类理论框架的内涵,并以在中山大学黑石顶野外台站开展的树苗种植实验为例,侧重介绍如何通过结构稳定性框架来探讨土壤微生物群落对物种共存的影响。

基于植物-土壤反馈的概念框架。Bever 等人于 1997 年建立了植物-土壤反馈模型,讨论了有益微生物和病原菌的寄主专一性程度在调节植物种群动态方面的作用,并将竞争互作整合到模型中,试图揭示土壤微生物对种间竞争和种内竞争相对强度的调节作用如何影响物种共存。基于当代物种共存理论的概念框架。为了进一步探究植物-土壤反馈对物种共存的影响,研究人员将当代物种共存理论和植物-土壤反馈相结合,整合了描述种群动态的竞争模型和植物-土壤反馈模型,推导出相应的公式计算物种对的生态位差异和平均适合度差异,并在草地系统中验证了土壤微生物群落在调节物种共存方面的重要性。这里的关键在于 Chesson (2000) 提出的当代物种共存理论,其试图构建解释物种共存的普适性框架。根据当

代物种共存理论，物种间的差异被划分为生态位差异 (niche difference) 和平均适合度差异 (average fitness difference)。比如，生态位差异可以理解为物种间的根长差异，对应资源的差异化利用，而适合度差异可以理解为物种间对相同资源的吸收策略差异。当生态位差异大于适合度差异时，物种间能实现稳定共存。总体而言，降低物种间的适合度差异（对应均等化机制）和增加物种间的生态位差异（对应稳定机制）均能促进共存。基于结构稳定性的概念框架。相对于当代物种共存理论，结构稳定性手段是最近兴起的一类探讨物种共存的新方法。结构稳定性(structural stability)理论尝定量地刻画了在给定的群落结构下允许物种共存的所有环境条件。因此，当给定一个群落结构（相互作用系数矩阵），如果物种只有在很狭窄的环境范围内才能共存，那么这个群落的结构稳定性就很低；反之，如果物种在很普遍的环境范围内都可以共存，这个群落的结构稳定性则很高。通过比较有无土壤微生物群落下植物群落结构稳定性的变化，进而量化土壤微生物群落对物种共存的可能影响，并探讨可能的生物学机制。

Phytochemical diversity, endemism and their adaptations to abiotic and biotic pressures in fine roots across a climatic gradient

张亚洲¹, Samantha J. Worthy², 许诗嘉^{1,3}, 何云雲¹, 王雪昭¹, 宋晓阳¹, 曹敏¹, 杨洁^{1*}

¹ 中国科学院西双版纳热带植物园热带森林生态学重点实验室 勐腊 666303

² Department of 1.65 Evolution and Ecology, University of California, Davis, CA, USA

³ 云南民族大学 昆明 650031

*yangjie@xtbg.org.cn

Phytochemicals and their ecological significance are greatly ignored in trait-based ecology. Moreover, phytochemicals and their adaptations or interactions with abiotic and biotic pressures in roots are less understood compared with leaves. Here, we measured the metabolomics of fine roots of 315 tree species and their rhizosphere microbiome in a macro-climatic gradient spanning tropical, subtropical, and subalpine forest ecosystems, to explore the phytochemical diversity patterns and phytochemical-microorganism interactions. We found that subalpine species showed higher phytochemical diversity but lower variation of phytochemical diversity than tropical species, which favors coping with high abiotic pressures. Tropical species harbored higher phytochemical variation and phytochemical endemism, which favors greater species coexistence and adapting to complex biotic pressures. Moreover, there was evidence of widespread chemical niche partitioning of closely related species in all regions, and phytochemicals were not regulated by phylogeny but instead by abiotic and biotic pressures. Our findings support the Latitudinal Biotic Interaction Hypothesis, i.e., the intensity of phytochemical-microorganism interactions decreases from tropical to subalpine regions. The intense phytochemical-microorganism interactions in the tropics promotes greater variation of microbial community composition than that of high latitudes, which shapes the enormous multi-trophic coexistence in the tropics. Our study reveals phytochemical diversity patterns and their ecological significance in fine roots and provides novel enlightenment on the biotic interactions and species coexistence.

Keywords: Phytochemical, Secondary Metabolite, Species Coexistence, Biotic Interaction, Rhizosphere Microorganism, Metabolome

南亚热带森林土壤功能微生物群落结构及其驱动机制研究

张静 唐旭利* 刘占锋*

中国科学院华南植物园 广州 510650

zhangj@scbg.ac.cn

南亚热带地区森林土壤普遍“富氮(N) 贫磷(P)”, 而土壤微生物在土壤养分周转中具有十分重要的作用, 丛枝菌根真菌(AMF)有助于植物吸收磷, 而南亚热带地区普遍存在的固氮植物也说明土壤中具有丰富的固氮微生物存在。但是南亚热带地区土壤“促P”和“固N”微生物如何变化以及驱动机制尚不明确。本研究以鼎湖山不同演替阶段森林为对象, 通过高通量测序技术分析发现, 鼎湖山不同演替阶段的AMF的优势属为类球囊霉属和球囊霉属(占有AMF90%以上), 固氮微生物则以慢生根瘤菌属为优势菌(>60%); AMF和固氮微生物群落多样性在演替顶级阶段森林显著高于演替初期阶段森林, 且群落结构在不同演替阶段具有显著差异; 植物物种多样性和生物量为AMF的主要驱动因子, 解释了AMF变化的44.2%, 而固氮微生物则是受到土壤P元素, 尤其是土壤有效磷的驱动, 二者共同解释了固氮微生物变化的33.3%。该研究结果表明, 在南亚热带森林, 植物生长虽然受到土壤P养分的限制, 但是土壤微生物通过调控其功能群落结构, 进而维持亚热带森林顶级群落高的物种多样性和功能。

土壤肥力和菌根植物的交互作用解释了亚热带常绿阔叶林多样性-生物量关系的空间变异

马建辉^{1,2}, 陈磊^{1,2}, 马克平^{1,2}

1.中国科学院植物研究所植被与环境变化国家重点实验室 北京 100093;

2.中国科学院大学 北京 100049

jianhma@ibcas.ac.cn

在自然观测的森林群落中, BEF (biodiversity-ecosystem function) 关系常常是变化的。然而, 树的菌根类型植物在这些不一致的 BEF 关系中所起到的作用还不明确。我们以古田山 24-ha 亚热带常绿阔叶林为研究平台, 结合样地内木本植物调查数据 (dbh ≥ 1 cm) 及土壤数据, 采用多元回归, 方差分解和结构方程模型等分析方法, 探讨了物种多样性和土壤肥力以及它们的交互的作用在不同的空间尺度上 (10 m × 10 m、20 m × 20 m、50 m × 50 m) 对不同菌根植物 (AM: arbuscular mycorrhizal; EcM: ectomycorrhizal) 地上生物量的影响。我们的研究表明, AM 植物地上生物量与物种多样性在不同的空间尺度上有一致的正的关系, 而 EcM 植物则为一致负的关系, 并且随着空间尺度的增加, 多样性对地上生物量的效应是逐渐增强的。此外, 我们也发现了物种多样性和土壤肥力的交互作用对地上生物量都有一个显著的负效应。具体来说, 随着土壤肥力的逐渐降低, 正的物种多样性对地上生物量的效应是在逐渐显现的, 说明了生态位互补可能在自然群落的 BEF 关系扮演着至关重要的作用。因此, 我们的研究揭示了环境因素和菌根植物对森林群落 BEF 关系的影响, 这为理解 BEF 关系和森林管理提供了新的认识。

关键词：菌根类型植物；地上生物量；土壤肥力；物种多样性；空间尺度；森林动态样地；BEF 关系

菌根树种组成塑造了土壤真菌的群落构建

邢华¹, 焦硕², 吴宪¹, 张敏华¹, 董舒¹, 何芳良^{1,3}, 刘宇^{1,4*}

华东师范大学—阿尔伯塔大学生物多样性联合实验室, 生态与环境科学学院 上海 200241

西北农林科技大学旱区作物逆境生物学国家重点实验室, 陕西省农业与环境微生物重点实验室 杨凌 712100

阿尔伯塔大学阿尔伯塔大学再生资源系 埃德蒙顿 AB T6G 2H1 加拿大

上海市污染控制与生态安全研究所 上海 200082

* yuliu@des.ecnu.edu.cn

研究表明, 菌根共生树种可以极大地影响土壤微生物群落, 而土壤微生物群落又在森林生态系统功能中发挥重要作用。然而, 当前对不同菌根共生类型的树种组成如何影响土壤微生物群落构建相对缺乏了解。本文基于浙江百山祖 25 公顷的亚热带森林样地收集了 1606 个土壤样本, 以研究丛枝菌根(arbuscular mycorrhizal, AM)和外生菌根(ectomycorrhizal, EcM)树的比值(AM/EcM)如何调节土壤微生物群落构建过程。结果表明, 土壤真菌和细菌群落的 alpha 多样性与 AM/EcM 树的比值呈显著正相关关系。AM/EcM 树的比值是真菌群落构建的重要影响因子, 而土壤含水量和 pH 值则是细菌群落构建的关键因子。AM/EcM 树的比值的增加降低了随机性过程在真菌群落构建过程中的重要性, 但对细菌群落没有显著影响。AM/EcM 树的比值对真菌和细菌群落的重要性存在差异, 突出了菌根共生树种组成在调节土壤微生物群落中的作用。研究结果揭示了具有不同 AM/EcM 树木比值的森林, 其土壤微生物群落也存在差异, 进而导致土壤养分循环的差异, 从而形成树种多样性和森林生产力的差异。

关键词：丛枝菌根树种；外生菌根树种；确定性过程；微生物群落构建；随机性过程

Soil water and nutrient gradients combined shape traits and sort species assemblages in a Chinese subtropical evergreen forest

Shuqiong Li^{1, 2}, Handong Wen¹, Min Cao¹ and Luxiang Lin^{1, 3,*}

¹CAS Key Laboratory of Tropical Forest Ecology, Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223, China

²University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

³National Forest Ecosystem Research Station at Xishuangbanna, Mengla, Yunnan 666303

* Correspondence: linluxa@xtbg.ac.cn

lishuqiong@xtbg.ac.cn (S.L), wenhangdong@xtbg.ac.cn (H.W), caom@xtbg.ac.cn (M.C)

Significant trait-environment relationship can indicate the role of environmental filtering in

community assembly. But general trait-environment relationship pattern is still maintained unclear because of the multiple sources of trait variation and the relative importance of filters shift across habitats. In order to assess the significance of environmental filtering in shaping traits variation and sort species in community assembly, we used abundance-based methods to analyze trait-environment relationships at species and community level. We found that functional traits are ordinated along two function dimensions mainly related to drought tolerance and light utilization, and a unique fast-slow continuum across stem and leaf traits was maintained through coordination between two dimensions. The trait ordination exhibited relatively strong relationships with environmental variables at species level, but most of the individual community-weighted mean traits displayed significant relationships with main environment gradients. The main trait ordination and trait-environment relationship pattern were approaching at species and community level. Basically, a fast and slow growing strategy were more possibly took by acquisitive deciduous and conservative evergreen species, respectively and they, accordingly, occupied sites with fertile soil resources and sites with limited soil resources. These results evidenced that being fast or slow is a general way for plants to success at specific conditions and environmental filtering is very important in shaping trait variation and sort species in this subtropical forest assembly. We highlight that consider the effect of abundance on trait variation is useful for testing the trait-environment relationships. It's necessary to integrate different function dimensions, multiple environmental factors across broad scale to study the role of environmental filtering to advance our generally understand how species and communities respond to climate change.

Keywords: Abundance; Community assembly; Community-weighted mean trait; Environmental filtering; Trait ordination

黄河故道刺槐人工林结构多样性特征

张岗岗^{1,2,4}, 刘伟霞¹, 王洋¹, 范定臣^{3,4*}, 王晶^{3,4}, 刘艳萍^{3,4}

1.河南师范大学生命科学学院 河南 新乡 453007;

2.河南省黄河流域生态工程技术研究中心 河南 新乡 453007;

3.河南省林业科学研究院 河南 郑州 450008;

4.河南原阳黄河故道沙地生态系统国家定位观测研究站 河南 新乡 453007

zg201394@163.com

量化黄河故道刺槐人工林结构多样性有利于其森林结构精细调控和森林质量精准提升,从而助力黄河流域生态保护和高质量发展。以往研究偏重描述林分的空间结构异质性或强调大小结构特征,而忽略了二者联合分布可能挖掘出更多直接有益的结构多样性信息。对 2 块 50 m × 100 m 黄河故道刺槐人工林固定样地进行每木定位和调查,采用径阶-角尺度、径阶-大小比数、径阶-混交度、径阶-密集度 4 个二元联合分布同时量化描述林木空间和大小结构特征,并采用 Shannon-Weaver 多样性指数 (H)、Pielou 均匀度指数 (D)、Simpson 指数 (J)、物种累计数 (S) 量化描述不同空间结构状态下林木大小多样性。刺槐人工林林分 A 和 B 中 6-36 cm 径阶随机分布林木分别占 56.2% 和 52.2%,且随机分布林木具有更高的大小多样性 ($H_A=2.73$ 、 $H_B=2.75$) 和较差的均匀性。不同优劣等级林木径阶分布基本呈正态分布,且林木越粗壮越占竞争优势,但林分 B 中不同优劣等级林木具有更高的大小多样性。林分 A 和 B 中分别有 85.1% 和 80.5% 的林木混交较差,较集中分布于 8-30 cm 和 14-34 cm,林分 B 中不同混交度等级林木具有更高的大小多样性。林分 A 中非常稀疏林木径阶分布呈

右偏正态分布,其 6-30 cm 占到 37.2%,而林分 B 非常密集林木径阶分布呈双峰型,其 6-8 cm 和 22-40 cm 的株数比例分别为 8.7%和 22.5%。黄河故道刺槐人工林不同空间结构和大小多样性较差, α 多样性指数可有效量化描述不同空间结构状态下林木大小结构多样性,这便于深入理解森林结构多样性,并有利于森林结构调整优化和森林质量精准提升,从而助力黄河流域生态保护和高质量发展。

大别山森林啮齿动物时空生态位与种间联结

夏启梁,周立志*,薛捷中,孟磊,吴迪

安徽大学资源与环境工程学院 合肥 230601;

安徽大学湿地生态保护与修复安徽省重点实验室 合肥 230601

15556931076@163.com

啮齿动物是森林生态系统中重要的初级消费者,其生态位特征和种间联结性的认识对于理解啮齿动物群落结构和种间关系具有重要意义。利用铗夜法于 2021 年 10 月至 2022 年 6 月对不同生境中的啮齿动物群落进行调查,运用群落多样性指数、Whit-taker 群落相似性指数、聚类分析、方差比率法(VR)、 χ^2 检验、联结系数(AC)、Spearman 秩相关系数、变异系数法(CV)分析不同生境中啮齿动物群落结构特征、物种时空生态位特征、种间联结性以及群落稳定性。共捕得啮齿动物 8 种 558 只,隶属于 2 科 6 属;中华姬鼠(*Apodemus draco*)在不同季节都是该地区啮齿动物群落中的优势种,黑线姬鼠(*Apodemus agrarius*)仅在灌丛生境中为优势种,小泡巨鼠(*Leopoldamys edwardsi*)和黄胸鼠(*Rattus tanezumi*)的种群数量相对较少;灌丛生境中群落多样性指数最高,针叶林中最低;阔叶林和针叶林群落相似度最高,阔叶林和针阔混交林聚为一类,其余生境各为一类;中华姬鼠在以季节和生境为资源等级的生态位宽度相对较高,黑线姬鼠的季节生态位宽度最大,而生境生态位宽度较小;小泡巨鼠和黄胸鼠的季节和生境生态位宽度较小;啮齿动物种群在生境和资源等级上的生态位重叠有意义的比例较高;针阔混交林和阔叶林的总体联结性检验结果为显著正联结,其余生境均为不显著正联结;针叶林以不显著负联结为主,其余生境中的正负种对关联比大于 1,以不显著正联结为主;灌丛和针阔混交林的个体数和物种数变异系数最小,啮齿动物群落稳定性相对较高,针叶林的个体数和物种数变异系数较大,群落稳定性较差。

大别山农田啮齿动物群落多样性及其时空动态

薛捷中,周立志*,孟磊,夏启梁,吴迪

安徽大学资源与环境工程学院 合肥 230601

安徽大学湿地生态保护与修复安徽省重点实验室 合肥 230601

x20301058@stu.ahu.edu.cn

啮齿动物是生物群落重要组成部分,山区农田生物群落受地形地貌等地理因素以及植被等生态因子和人为活动等经济因素影响,群落结构更具复杂性。为了解大别山农田中不同耕作模式下的啮齿动物群落组成及群落对时空变化特征,于 2021 年 7 月至 2022 年 6 月在不同海拔区间内的农田中,共选择 22 个地点,布设有效铗 17925 只,获取啮齿动物群落种类组成和数量分布数据,进行群落多样性研究。共捕获啮齿动物 362 只,分属 1 目 2 科 6 属 8 种。优势科和属为鼠科和姬鼠属,黑线姬鼠(*Apodemus agrarius*)为农田优势种,占捕获总数

的 51.94%。喜湿型占 99.45%，是大别山农田的主要生态型。农田啮齿动物群落主要由黑线姬鼠和中华姬鼠组成，啮齿动物群落组成表现耕作模式间的差异，人工茶园捕获率最高，其群落组成种类也最多(8 种)。人工茶园啮齿动物群落 Shannon-Wiener 多样性指数、均匀度指数以及优势度指数均是最高，菜田丰富度指数最高，菜田和人工茶园相似性程度最高。随着海拔上升，黑线姬鼠优势种地位逐渐被大足鼠取代。作物生境下啮齿动物群落会受作物季相和海拔影响，不同季节及不同海拔农田啮齿动物群落多样性水平不同，秋季 Shannon-Wiener 多样性指数高于其余季节，中海拔农田的 Shannon-Wiener 多样性指数最高。表明耕作模式、海拔和作物季相会影响农田啮齿动物群落组成，研究结果为农田啮齿动物的管理累积基础数据。

Plant trait-based life strategies vary in different succession stages of subtropical forests, Eastern China

Xiaoling Lu¹, Libin Liu¹, Jian Ni^{1*}

¹College of Chemistry and Life Sciences, Zhejiang Normal University, Jinhua 321004, China
2016920142@qq.com

Plants growing in forests at different succession stages with diverse habitats may adopt various life strategies from the perspective of plant functional traits. However, species composition differs with forest succession, the effects of forest succession on traits are often explored without considering the effects of species identity. We comprehensively investigated the intraspecific variations of 12 traits of six overlapping species (two tree species and four understory shrub species) in three typical subtropical evergreen broad-leaved forests at different succession stages in Eastern China. We found that intraspecific variations differed among traits. Fine root specific length presented large intraspecific variation, leaf area, specific leaf area and fine root tissue density showed medium intraspecific variations, and other traits displayed small intraspecific variations. Trees and understory shrubs in the early-stage forest exhibited higher leaf thickness, dry matter contents and tissue densities of leaves, roots, twigs, and stems, and lower leaf area and specific leaf area. Those in the medium- and late-stage forests displayed converse trait characteristics. From the perspective of plant functional traits, plants in the early-stage forest formed a series of trait combinations for a resource conservative strategy with a low growth rate to adapt to fragile habitats with poor soil nutrients and changeable soil temperature and humidity, and those in the medium- and late-stage forests (especially the former) formed converse trait combinations for a resource acquisitive strategy with a high growth rate to adapt to low light availability and strongly competitive habitats. Our study reveals plants in forests at different succession stages adopt various life strategies and provides data to the TRY and the China plant trait databases.

Keywords: intraspecific trait variation, forest succession, overlapping species, life history strategy, subtropical forests

通过化感作用揭示蕨类植物在维持森林生物多样性中的机制研究

岑润琳, Hasnain Moavia, 张开梅*, 沈羽

南京林业大学生物与环境学院 南方现代林业协同创新中心 江苏南京 210037

runlincen@163.com

采集多种蕨类植物的新鲜的根茎叶材料,目前已初步完成金星蕨的根茎叶水提液对井栏边草的配子体的化感作用的初步研究。将金星蕨植株经蒸馏水冲洗干净后,滤纸吸干水分。将根、茎、叶分开,并将根和叶完整的切下,茎切成大约 4cm 长。将根、茎、叶分别按每 100mL 重蒸馏水 8g 鲜重的比例浸泡于锥形瓶内,在 130 r/min 的摇床上往复振荡 24 h。各提取液经真空抽滤后,即得 8 % 的金星蕨根、茎、叶提取母液, -20 °C 保存备用。将各提取母液分别通过微孔滤膜过滤。在井栏边草孢子萌发试验中,将无菌提取母液与 MS 培养基(琼脂浓度为 0.7%)混合,得到梯度金星蕨溶液,分别为 50 %, 40 %, 30 %, 20 %, 10 %, 以蒸馏水为对照。在井栏边草假根伸长试验中,将无菌提取母液用无菌水稀释得到上述浓度的提取液。所有培养基都置于直径为 3.4 cm 的一次性使用培养皿中,每处理 6 皿。每皿中含 6 mL 培养基。将带有成熟井栏边草孢子的叶片置于洁净纸袋中,放于干燥通风处使孢子自然散落,约 1 周后将孢子去杂并收集于硫酸纸袋中。取成熟孢子置于 1.5 mL 离心管内,滴加无菌水,旋涡混合器混合成悬浊液,4000 r/min 离心 1 min,弃去上清液。如此重复 4~5 遍。离心管内再滴入 1 mL 的 5 % NaOCl 水溶液,旋涡混合器混合成悬浊液,灭菌 4 min,无菌水冲洗 4~5 遍,获得无菌孢子悬浊液。将孢子约 30 个/cm² 均匀地接种在培养皿中。接种后将培养皿放入直径为 12 cm 的大培养皿中,以避免干燥。先置黑暗处 24 h 后置于光下。培养室温度为 25 °C,荧光灯光源,每天 12 h 光照。孢子萌发在接种后第 10 天开始记数,每隔 4d 记数 1 次,直到萌发率不再上升。通过体视显微镜的附加目镜上的正方形格状镜片记数。每个培养皿中选取视野内 5 个正方形方格内的孢子萌发数代表该培养皿内孢子的萌发数。孢子平均萌发数是取 6 个培养皿内孢子萌发数的平均值。将井栏边草的孢子接种于 MS 培养基后 1 周,测量配子体上假根的长度,选取 6 个假根长度一致的配子体进行标记。标记完毕,所有容器内加入梯度金星蕨无菌提取液。1 周后,记录假根伸长量。研究结果表明,金星蕨的根茎叶水提液均能抑制井栏边草的孢子萌发率和假根伸长。

关键词: 井栏边草配子体; 根茎叶水提液; 化感作用; 生物多样性

中国植物园木本植物多孔菌多样性研究

员媛

北京林业大学 北京 100083

yuanyuan1018@bjfu.edu.cn

多孔菌是木材腐朽菌中最关键的真菌类群,是森林生态系统的重要组成部分。为了明确植物园对植物上的真菌资源的保护状况,在 2010–2021 年间,本团队对全国 31 个省(自治区、直辖市)的 31 个代表性植物园中木本植物上的多孔菌进行了系统调查、标本采集和种

类鉴定,记录多孔菌 164 种,隶属于担子菌门伞菌纲 6 目 23 科 79 属。生长在植物园中的多孔菌仅占全国所有森林生态系统多孔菌总数的 16%,而植物园中发现的稀有种仅占全国稀有种总数的 3.1%。植物园虽然能够对稀有和濒危植物进行有效保护,但对稀有多孔菌保育作用有限。绝大部分稀有和濒危的多孔菌生长在天然林和原始林,因此,对稀有多孔菌的保育仍需聚焦在森林生态系统的保护上。目前全国仅有吉林天佛指山国家级自然保护区、吉林琿春松茸省级自然保护区对野生松口蘑资源进行了保护。而全国 318 种稀有濒危多孔菌,还没有一种被列为保护区保护的对象,特别是掠夺性采集对具有重要药用价值的桑黄、松杉灵芝和桦褐孔菌等物种的野生资源产生严重影响,导致这些种类正处于灭绝的边缘。对真菌的保护虽然已经受到国内外同行的关注,但是与动植物的保护相比,依然任重道远。

寒温带落叶松林优势乔木叶和茎及根的性状特征

朱道光¹; 杨立宾¹; 李金博¹; 倪红伟²

1 黑龙江省科学院自然与生态研究所 哈尔滨 150040

2 黑龙江省林业科学院 哈尔滨 150081

zhudg01@163.com

植物功能性状与环境变化及其适应机制是生态研究的热点问题。植物功能性状,可反映植物在长期进化过程中对不同环境条件、适合度或生产力的适应。本文通过对寒温带落叶松林的优势木本植物的茎、叶等植物功能性状的测定,并同步测定温度、湿度、地形、土壤和雪被等环境因子;结果表明,寒温带落叶松和白桦的叶面积、比叶面积都呈现一定的规律性;两种乔木的一年生的小枝的生物量都直接与根的平均生物量相关,其中白桦的一年生的小枝的生物量分别与林下雪被的雪水当量和 5-10cm 的土壤含水量直接相关,其他的环境因子与一年生的小枝生物量没有直接的相关性;以杜鹃-落叶松林为代表的根性状研究结果表明,根的生物量不仅与自身的其他植物性状(如叶、茎)直接相关还与外界的环境因子密切相关。通过根性状与土壤温度、土壤含水量、土壤碳氮比以及海拔高度等环境因子产生间接的影响。

关键词: 落叶松林; 叶性状; 茎性状; 根性状; 寒温带

城市森林公园的植物多样性状况及其影响因素研究——以

杭州市余杭区为例

徐曦^{1*} 金敏丽¹ 钟伟良² 何云核¹ 贺顺云¹

1 浙江农林大学风景园林与建筑学院 杭州 311300;

2 余杭区林业水利局 杭州 311199

urban_ee@foxmail.com

江南丘陵地区的城市森林公园地形地貌丰富、暖湿的亚热带季风性气候为各种动植物的生存繁衍提供了良好的自然条件。而长期以来是富庶之地,人们的发展愿望强烈、林业活动剧烈,毁林与造林阶段性共存,生物多样性受到各种威胁。本研究以余杭区自然保护地(径山山沟沟国家森林公园、东明山省级森林公园、长乐省级森林公园)的 7 类森林(毛竹林、常绿阔叶林、常绿落叶阔叶混交林、针阔混交林、针叶林、落叶阔叶林和山顶灌丛)为研究

对象, 计算 38 个植物样方的 α 多样性 (Shannon-Wiener 指数、Pielou 均匀度指数)、 β 多样性指数 (Jaccard 相似性指数、Cody 指数), 分析不同森林群落的植物多样性差异, 并采用德尔菲法为不同样地的自然性进行打分。结果表明 1) 随着海拔的升高, 总植物物种多样性降低; 2) 植物物种多样性与坡向呈正相关, 即随着坡向由阴坡到阳坡, 其植物物种多样性会逐渐增加, 特别是在半阳坡时, 会显著高于阴坡; 3) 坡位主要影响林下层的物种丰富度以及草本层的多样性指数和优势度指数; 4) 坡度对林下植被的多样性指数、优势度指数以及均匀度指数有重要影响; 5) 7 种植被类型中针阔混交林的自然性最优, 其次是针叶林; 常绿阔叶林生物多样性状况一般, 森林郁闭度过高导致林下植物稀少; 毛竹林占地面积大, 根据不同的管理方式, 其林下植被的生物多样性差异较大, 而自然性中等; 常绿落叶阔叶混交林多为人工色叶树林, 人为干扰强度大、自然性较差, 生物多样性和自然性均较差。在自然性的基础上增加珍稀濒危动物和威胁因子分布特征, 划出了优先保护的植被类型和分布区域。

关键词: 植物多样性; 植被类型; 地形地貌; 兽类多样性; 威胁因子

热带的种间作用强于温带吗? 以森林群落中的种子蛀食为例

吴文兰¹ 王晓雪¹ 赵涛¹ 张文富² 房帅³ 徐雨¹ 张凯¹

¹ 贵州师范大学, 贵州贵阳, 550025

² 中国科学院西双版纳热带植物园 勐腊 666303

³ 中国科学院沈阳应用生态研究所 沈阳 110016

zkzlx@126.com

生物相互作用假说 (biotic interaction hypothesis) 认为物种相互作用在热带地区会变得更强烈, 这被视为热带生物多样性高的一个维持机制。该假说的提出可追溯至 19 世纪后半叶的达尔文和华莱士, 并影响了当代对于生物多样性纬度梯度格局及其机制的理解。大多数昆虫-植物相互作用的研究聚焦单一或少数植物物种上的食叶昆虫, 得到了相互矛盾的结果, 使该假说充满了争议。本研究关注森林群落中的种实昆虫, 选取一对海拔相似的热带 (西双版纳) 和温带 (长白山) 森林动态监测样地, 应用一致的方法调查 2019-2020 年群落内种子的虫蛀状况, 以期在群落尺度上检验生物相互作用的纬度梯度假说。本研究试图回答两个科学问题: (1) 热带森林中的种子蛀食强度是否高于温带森林? (2) 热带 vs. 温带的结果是否受研究层次 (物种 vs. 群落) 和年份的影响? 本研究发现了热带 vs. 温带的所有可能结果。在群落层次上 (以某个时期群落内的所有种子为分析单元), 2019 年西双版纳热带季雨林中的种子蛀食强度低于长白山温带针阔混交林, 而 2020 年热带西双版纳却高于温带长白山; 在物种层次上 (以每个物种的所有种子为分析单元), 2019 年热带西双版纳的种子蛀食强度低于温带长白山, 但 2020 年两者在统计上变得相似。出现上述结果的原因有两个。首先, 物种层次上的分析忽略了群落中植物的种间差异 (如优势度、种子产量), 因而弱化甚至丢失了热带与温带在种子蛀食强度上的差别; 其次, 长白山温带针阔混交林中不同的优势种在 2019 年 (水曲柳 *Fraxinus mandshurica*) 和 2020 年 (紫椴 *Tilia amurensis*) 相继大规模结实, 左右了当年群落层次上的种子蛀食强度, 并使其显著高于或者低于西双版纳热带季雨林。本研究在一定程度上再现了围绕生物相互作用假说的争端。生物相互作用的纬度梯度受种间差

异、年份变化等多方面的影响而呈现出多样的结果。只有将诸多影响因素考虑在内，我们才能可靠地检验生物相互作用的纬度梯度假说。

甘肃连城国家级自然保护区鞘翅目昆虫分类及物种多样性 初步研究

王永丽, 陈潇潇, 王立祥, 尚素琴*
甘肃农业大学植物保护学院 兰州 730070
suqinsh@qq.com; shangsq@gsau.edu.cn

甘肃连城国家级自然保护区有着完整的森林生态系统, 具有特殊的地理位置及气候条件, 分布有丰富的野生动植物资源。近年来连城国家级自然保护区的生物多样性研究大多集中在大型真菌、植物、兽类以及鸟类等方面, 关于该地区昆虫物种多样性的研究鲜有报道。为明确连城国家级自然保护区鞘翅目昆虫的种类、群落结构、分布、区系及物种多样性, 本研究选取样点对保护区的鞘翅目昆虫进行了标本采集, 并计算和分析了生物多样性指数, 包括 Shannon-Wiener 多样性指数 (H')、Simpson 优势度指数 (D)、Pielou 均匀度指数 (J') 及 Margalef 丰富度指数 (E) 等。结果表明: 本次共采集鞘翅目昆虫 355 号, 经鉴定隶属 22 科 56 属 70 种, 均为保护区的首次记录; 区系分析显示, 连城自然保护区鞘翅目昆虫的区系以古北种为主, 占总数的 58.57%, 广布种次之, 占 27.14%, 东洋种最少, 仅占 14.29%; 生物多样性指数显示: 连城自然保护区鞘翅目昆虫中云斑鳃金龟 (*Polyphylla laticollis* Lewis) 和黄朽木甲 (*Cteniopinus hypocrita* Marseul) 为优势种, 多样性指数与丰富度、均匀度指数均呈正相关, 表明该保护区鞘翅目昆虫多样性较高, 物种群落结构较稳定。建议保护和提高生境质量, 加强生物多样性保护宣传, 旅游和发展相结合。

关键词: 鞘翅目; 分类; 多样性指数; 区系; 连城国家级自然保护区

专题 4. 海洋生物多样性（召集人：孙军）

西北太平洋造礁石珊瑚的空间分布模式及其与环境因子的关系

黄 晖

中国科学院南海海洋研究所 热带海洋生态与生物资源实验室

huanghui@scsio.ac.cn

了解物种分布模式及其驱动过程是生态学和生物地理学的基本研究目标之一。造礁石珊瑚作为珊瑚礁区的框架生物，为大量生物提供栖息地。然而，目前西北太平洋的造礁石珊瑚物种分布数据库仍然缺乏来自中文和最新文献的可靠物种生物地理分布记录，这限制了该区域造礁石珊瑚生物地理格局的研究。为更好地了解造礁石珊瑚物种分布模式及其形成过程，研究通过收集 1960 年以来中国南海及其周围海域的造礁石珊瑚物种记录文献及资料，确定中国造礁石珊瑚物种多样性。随后结合世界珊瑚分布数据库（Coral Geographic）的数据，更新西北太平洋造礁石珊瑚分布数据库，并通过卫星气候态环境数据以及基于莫兰特征向量的空间分布数据，结合物种丰富度与 β 多样性分解结果，进一步探讨了物种分布与空间和环境因素之间的关系。本研究确定中国拥有超过 530 种造礁石珊瑚，并获得西北太平洋 24 个地区的 607 种造礁石珊瑚的分布记录。研究表明，该区域造礁石珊瑚的物种丰富度和群落结构的分布模式显著受到来自黑潮的影响，并据此可将造礁石珊瑚群落分为两个区域（南海区和黑潮区）。物种丰富度在区域尺度上显示出随着纬度增加而降低的分布模式，然而，将整个西北太平洋作为研究范围时，这种纬度梯度分布模式出现减弱。研究进一步证实物种丰富度变化主要受到冬季低温的影响，这表明环境因素显著影响了该区域造礁石珊瑚的 α 多样性模式。同时，研究表明 β 多样性在南海北部沿岸地区主要表现为周转模式，整个黑潮以及南海离岸海域则主要表现为嵌套模式。进一步研究发现，造礁石珊瑚群落结构变化主要与温度、光照强度、浊度有关，且这些环境因子对群落结构影响的相对重要性不同。其中，温度尤其是冬季温度显著影响造礁石珊瑚群落的 β 多样性。此外，浊度和光照强度分别与南海和黑潮地区造礁石珊瑚群落的周转模式有关，这暗示着南海的高浊度可能取代光对物种分布的影响。这些发现支持了环境过滤效应驱动着西北太平洋造礁石珊瑚分布模式的形成，可为未来造礁石珊瑚物种多样性的保护提供基础。

关键词：生物地理学，造礁石珊瑚，环境过滤效应，西北太平洋，中国南海

西太平洋海山金柳珊瑚系统分类学和分布格局研究

徐雨

中国科学院海洋研究所海洋生物分类与系统演化实验室 青岛市海洋生物多样性与保护重点实验室

青岛 266071

xuyu@qdio.ac.cn

金柳珊瑚 (golden coral) 即金柳珊瑚科物种的俗称, 隶属刺胞动物门、珊瑚亚门、八放珊瑚纲、硬软珊瑚目, 广泛分布在全球的海山、陆坡等深水生境中。金柳珊瑚可参与聚集形成深海“珊瑚林”, 是脆弱海洋生态系统 (VMEs) 的重要指标生物之一, 并作为建群生物为其它深海生物提供栖息场所, 成为深海生物多样性和生态系统研究的前沿热点。本研究通过“发现”号遥控无人深潜器及“蛟龙”号载人深潜器等在西太平洋海山区采集的 112 号金柳珊瑚样品, 开展了西太平洋海山金柳珊瑚系统分类学和分布格局研究。研究鉴定金柳珊瑚 5 属 38 种, 其中含 1 新属 24 新种。研究发现金柳珊瑚群体的分支顺序不能作为该属物种鉴定的重要依据, 而骨片种类及排列方式是最重要的鉴别特征这一新认知; 相较于常用的 mtMuts 或 COI 基因, 28S rDNA 对金柳珊瑚的物种界定效果更好; 澄清了波柳珊瑚属的分类学地位, 并重新修订了虹柳珊瑚属。通过对采自热带西太平洋不同海山区的金柳珊瑚物种多样性比较研究发现, 各采样地间物种具有一定的连通性, 但物种重叠率低。通过对全球金柳珊瑚属和虹柳珊瑚属的物种组成和分布进行分析, 提出印度-西太平洋可能是深海潜在的金柳珊瑚生物多样性的中心。研究结果为海山生物多样性分布假说提供了科学依据, 对深海生物多样性保护及公海保护区的划设具有重要意义。

关键词: 金柳珊瑚科, 深海, 形态学, 新种, 生物多样性

海流驱动大洋真核微生物的地理分布

赵峰, 赵荣杰, 徐奎栋

中国科学院海洋研究所 青岛 266071

fzhao@qdio.ac.cn

真核微生物是海洋中多样性高且丰度的类群, 目前关于海流驱动其地理分布的研究仍然不足。为探究西太主流系的代表: 北赤道流, 对真核微生物分布的影响, 本研究沿北赤道, 在中太平洋、西太平洋和南海 18 站位采集表层海水。研究发现, 沿北赤道流, 在 9000 km 的地理距离尺度下, 真核微生物群落存在明显距离衰减关系, 即随着地理距离的增加, 其群落不相似度明显增大。而且丰富类群, 稀有类群均在此关系。不同站位还可根据分布区域划分为不同组群, 中太平洋和西太平洋的样品各自聚为一支, 然后聚合为一大支; 南海的样品单独聚为一支。统计分析结果表明, 真核微生物群落的不相似度主要归因于物种替换, 即环境选择或者历史因素限制等, 而嵌套分布影响较小。进一步分析显示, 稀有类群与中等稀有类群不相似度同样主要归因于物种替换, 但是丰富类群群落不相似度主要由于嵌套分布造成, 即不同海区存在明显的‘源汇’关系。所有样品的嵌套排序发现, 西太平洋样品排序整体高于其他海区, 表明西太平洋真核微生物群落受嵌套影响比重较大, 中太平洋是其重要的物种补充库。SourceTracker 分析结果进一步验证此发现, 86.5% 的西太平洋物种多样性来源于中太平洋, 反之则未见如此明显的源汇关系。这些发现表明, 北赤道流将中太平洋的物种带到西太平洋, 而且此种机制解释了绝大部分西太平洋的物种多样性构成。

关键词: 微生物组; 地理分布; 浮游生物; 深海

Potential impacts of climate change on the distribution of common echinoderms in the Yellow Sea and East China Sea

Yong Xu^{a,b,c,d}, Lin Ma^{a,b,c,d}, Jixing Sui^{a,b,c,d*}, Xinzheng Li^{a,b,c,d*}, Hongfa Wang^a, Baolin Zhang^a

^a Department of Marine Organism Taxonomy and Phylogeny, Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China

^b University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

^c Center for Ocean Mega-Science, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China

^d Laboratory for Marine Biology and Biotechnology, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266237, China

*Corresponding authors at: Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China

jxsui@qdio.ac.cn (J. Sui); lixzh@qdio.ac.cn (X. Li)

To detect potential effects of climate change on the distribution of common echinoderm species in the Yellow Sea (YS) and East China Sea (ECS), species distribution models (SDMs) were applied. The presence/absence data of eight common echinoderm species were obtained from 268 sites surveyed during 2000-2016 and the data of thirteen environmental variables from online datasets. Ensemble SDMs were constructed and were in good model performance for six of the eight selected common echinoderm species. Under future climate scenarios, the brittle stars *Ophiopholis mirabilis*, *Amphioplus depressus* and the sea cucumber *Protankyra bidentata* were projected to expand in the southwestern areas of the YS, the ECS, and the coastal areas of the YS and ECS, respectively; the brittle stars *Stegophiura sladeni*, *Amphiura digitula* and *Amphiura vadicola* will likely contract their ranges in the south distribution areas and expand their ranges in the north, showing a northward movement trend in the future. Temperature was the most important environmental variable influencing the distribution of the latter three echinoderms. Our findings will improve our understanding of the impacts of climate change on marine macrobenthos.

Keywords: Climate change; Echinoderms; Species distribution models; Yellow Sea; East China Sea

黄渤海浮游病毒的时空分布及其与环境因子的相关性

王美文^{1,2}, 汪岷^{3*}, 梁彦韬³, 孙军^{1,2*}

1 中国地质大学广州南沙地大滨海研究院 广州 511462

2 中国地质大学生物地质与环境地质国家重点实验室 武汉 430074

3 中国海洋大学海洋生命学院 青岛 266003

phytoplankton@163.com

病毒存在于任何有生命的地方, 虽然个体微小, 但能侵染几乎所有的生物体, 常常使人闻之色变。在海洋生态系统中, 浮游病毒主要侵染原核以及微小的真核生物, 其数量庞大且生物量巨大, 据统计, 表层海水中的病毒丰度约为 10⁷ 个/mL, 海洋中病毒总颗粒数约有 4×10³⁰ 个。由于其特殊的结构和多种生活方式, 海洋浮游病毒在调节宿主群落结构、储存和调控基因信息以及参与全球生物地球化学循环中都发挥重要的作用。

渤海是我国的内海, 有黄河、辽河、滦河和海河汇入其中, 也是我国经济鱼虾贝类的主要产地之一。黄海是太平洋西北部半封闭型的边缘海, 位于黄海中部洼地深层和底部的黄海

冷水团对我国近海的渔业捕捞和养殖有极大的影响。渤海和黄海对我国沿海的生态系统和经济发展起着至关重要的作用，但对渤海和黄海浮游病毒群落结构与多样性的研究仍屈指可数。本研究采用宏基因组学的方法，在渤海和黄海范围内对不同年份和季节的浮游病毒时空分布以及病毒与环境之间的关系进行了探究。

本次研究鉴定出的近 30 万个病毒类群中，超过 90% 的序列未匹配到已知的分类信息。已知分类的病毒种的分布与环境有较强的相关性：经常出现藻华的区域，能够侵染导致水华的藻类的病毒丰度较高；在渔业资源比较丰富的区域，感染鱼虾贝类的病毒以及作为饵料的藻类的病毒丰度较高；在沿岸区域，受江河冲淡水 and 人类活动影响，一些存在于淡水、污水处理厂、土壤中的病毒以及能够感染陆生动物的病毒丰度高于其他区域。

本研究对黄渤海各站位的病毒组进行了比对，结果表明黄渤海病毒分布可以分为三个区系：黄河口、长江口和其他区域，说明受河流淡水冲入的影响，河口环境的病毒分布较为特殊。

此外，本研究将黄渤海病毒组与全球五大海洋病毒区系（南极、北极、温热带海洋表层、中层和深海）的病毒组进行比较发现：黄渤海病毒组与温热带海洋表层的病毒组比较相似，而与南北极、温热带海洋中层和深海等区域的区分较明显。

本研究通过宏基因组学的方法，着眼于黄渤海大范围的病毒群落结构以及病毒分布对环境变化的响应，初步绘制了黄渤海区域的病毒图谱，为我国近海病毒资源调查和研究提供了基础。

关键词：宏基因组；浮游病毒；生态分布；环境因子

我国海域赤潮多样性及其时空动态规律与机制

陈楠生

中国科学院海洋研究所海洋生态与环境科学重点实验室 青岛 26071

chenn@qdio.ac.cn

在气候变化和人类活动的双重压力下，赤潮现象在我国海域日趋严重，成为我国海域最突出的生态灾害之一，严重威胁人类健康、生态安全和社会经济发展。近 30 年来，我国海域赤潮暴发不仅更加频繁、暴发规模加大、影响海域增广，而且赤潮类型也增多，出现了褐潮、绿潮和金潮等新类型，和较多的致灾赤潮新物种。此外，其中一些曾经认为是外来入侵物种的赤潮物种也发现在我国海域长期广泛存在，表明我国海域赤潮物种多样性尚未被充分认识，存在“家底不明”的情况。我国海域到底存在多少赤潮物种？它们的时空动态变化有什么规律？其驱动机制是什么？系统完善地回答这些科学问题是推动我国赤潮研究和迎接新挑战的关键。本文拟梳理我国海域赤潮物种多样性的研究现状，解析我国赤潮多样性研究存在的技术和思路问题，探讨赤潮多样性研究的新技术和新思路，并展望赤潮多样性研究的发展方向。

黄河口西南侧天然牡蛎礁的牡蛎种群结构

左涛^{1,2*}，张贝叶^{1,3}，王俊^{1,2}，左明⁴，王安东⁵

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所 山东青岛 2660712;

-
2. 青岛市海洋科学与技术试点国家实验室 山东青岛 266237;
3. 上海海洋大学水产与生命学院 上海 201306;
4. 东营市海洋发展研究院 山东东营 257091;
5. 山东黄河三角洲国家级自然保护区管理委员会 山东东营 257091
zuotao@ysfri.ac.cn

牡蛎礁是生态系统服务价值最高的海洋生境之一,目前我国自然牡蛎礁分布和生态现状的基础信息仍然较缺乏。黄河口西南侧小岛河入海口水域近年来新发现较大面积自然活牡蛎礁群。对此牡蛎礁进行生态调查,研究分析牡蛎种群的种类组成、形态及年龄结构、生长等。研究结果确定该牡蛎礁的牡蛎种类包括近江牡蛎和长牡蛎;采样位点牡蛎数量密度和生物量密度高于国内外多数河口和海湾相应值。组成种类,近江牡蛎数量和重量占比较高。近江牡蛎的年龄为 0+~4+,长牡蛎年龄为 0+~2+。在数量上,两种类都以低龄的个体在数量上占绝对优势,在重量上则以较高龄的个体贡献比最高;根据各龄组的壳体的壳高、壳宽和壳厚比值,发现两种牡蛎向上生长趋势明显。生长拟合生长曲线显示,近江牡蛎和长牡蛎生长速度较快。根据以上结果,认为小岛河入海口水域牡蛎礁牡蛎自然种群资源较丰富,有较好的造礁扩张潜力,建议对该自然牡蛎礁及周边生境以原位保护为主,并制定以 3-4 年为一个周期的科学监测计划。

利用整合分类学对中国海软体动物多样性研究

张均龙

中国科学院海洋研究所海洋生物分类与系统演化实验室, 青岛市海洋生物多样性与保护重点实验室 青岛 266071
zhangjl@qdio.ac.cn

整合分类学(Integrative Taxonomy)旨在综合运用形态学、遗传学、解剖学、发育学等方法以及生物等生境、分布等信息,划定分类阶元或区分物种,开展综合的生物分类研究。整合分类学被认为是解决分类问题、揭示生物多样性的有效方法。新方法和多种数据的引入,可极大弥补了单纯依靠形态分类的不足,能够对物种进行更加准确的鉴定、厘清了分类学中存在的问题,有效揭示了软体动物的多样性,并准确客观地反映了其自然的系统演化关系,推动了软体动物系统分类和演化研究的发展。我们利用整合分类学研究方法,包括形态、内部结构解剖、DNA 条形码、多基因联合、线粒体基因、简化基因组等手段,对中国海软体动物多板纲、砂海螂、马蹄螺等类群开展分类和系统演化研究,很好地解决了一些分类方面的难题,发现和报道未知种类,弥补了我国软体动物分类研究上的欠缺,表明我国软体动物的多样性尚需深入研究;通过系统演化分析结合分子钟和化石证据,构建了某些类群的系统演化关系、估算其分化历史,结合环境因素、生物学特性等,厘清了典型物种扩散分布模式,推测起源及系统演化历史,为海洋软体动物的起源演化和扩布机制提出了见解。随着整合分类学发展,基因组、转录组、蛋白组等组学技术也越来越多地被运用到分类学研究中。将整合分类学应用于软体动物多样性研究中,不仅有助于厘清软体动物中基础的分系统学问题,为我国海洋生物多样性和生物生态学研究提供重要的基础资料,而且有助于对生物多样性格局、形成与演变机制的认识。

关键词: 软体动物、多样性、分类学、系统演化

黄海蛇尾纲优势物种胃含物微生物群落组成与功能特征

董悦^{1,2}, 李一璇¹, 何培青¹, 王宗灵^{1,2}, 范士亮^{1,2}, 张学雷^{1,2}, 徐勤增^{1,2}

1. 自然资源部 第一海洋研究所, 自然资源部海洋生态环境科学与技术重点实验室 青岛 266061;

2. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室 海洋生态与环境科学功能实验室 青岛 266237

2069565030@qq.com

肠道微生物在宿主的生存和环境适应过程中起着重要的作用。蛇尾作为主要底栖生物, 在海底的底栖-远洋耦合中具有重要生态作用。目前对其肠道微生物群的组成和多样性及其在底栖生物生态系统中的潜在功能了解较少。本研究基于 16S rRNA 基因高通量测序技术对黄海水域不同食性蛇尾(腐食性司氏盖蛇尾、浅水萨氏真蛇尾与悬浮物食性紫蛇尾)的胃含微生物群落进行测序与分析。结果表明, 胃含微生物群落组成丰富, 物种多样性高, 鉴定到 56 个门、569 个属。胃含微生物群落组成与沉积物环境微生物差异显著, 生物多样性较高。蛇尾胃含微生物优势类群为变形菌门、厚壁菌门、软壁菌门和拟杆菌门。不同食性蛇尾胃含微生物群落结构存在一定差异, 两种远岸腐食性蛇尾相似性较高。胃含微生物功能预测结果表明, 近岸与远岸司氏盖蛇尾胃含微生物在环境相关代谢通路中存在显著差异, 不同食性蛇尾胃含微生物在脂质(Lipid metabolism)、碳水化合物(Carbohydrate metabolism)等代谢通路存在显著差异。系统发育分析结果显示, 不同区域的司氏盖蛇尾胃含微生物均存在高丰度的共生菌 *Candidatus Hepatoplasma* 属, 其可能具有促进蛇尾营养代谢、提高生存率的作用。此外, 本研究还进行了萨氏真蛇尾和浅水萨氏真蛇尾群体在不同地理区域的胃含微生物群落特征分析, 初步结果显示不同区域的蛇尾其胃含微生物在属水平上存在显著差异($p < 0.05$), 同一海域的两种蛇尾则无显著差异($p > 0.05$), 有较高的相似度, 研究结果还需进一步分析。

关键词: 蛇尾, 胃含微生物, 群落结构, 功能预测, 系统发育分析, 黄海

东印度洋颗石藻钙化及多样性

刘海娇

天津科技大学 300222

coccolith@126.com

生颗石藻是海洋钙化微藻的关键类群, 广布世界大洋, 拥有独特的“双重碳泵”机制, 能够作为海洋生态系统变化的“指示剂”。印度洋作为生物地球化学研究的“处女地”, 钙化颗石藻生物多样性的空间分布变化, 以及关键颗石藻类群的生态位信息, 在印度洋的调查十分罕见。理解颗石藻生物群落的空间分布及生态位(Ecological niche)信息, 有助于预测区域印度洋未来气候变化背景下的生物群落结构响应规律, 也能应用到气候-生态模型中。

海洋颗粒相关微生物多样性和稳定性的演替

谷挺^{1,2}, 陈卓^{1,2}, 孙军^{1,2*}

¹中国地质大学广州南沙地大滨海研究院 广州 511462;

²中国地质大学(武汉)生物地质与环境地质国家重点实验室 武汉 430074
guting2019@163.com

海洋生物碳泵产生有机碳,并通过颗粒沉降过程将有机碳从表层海洋输送到深海。然而,只有 5-25%的固定碳输出至真光层以下,最终只有不到 1%的固定碳到达海底。海洋颗粒的沉降和碳的垂直输出受到物理、化学和生物过程的复杂相互作用的影响,这可能会导致颗粒的破碎,由此产生的子颗粒比原始颗粒下沉得更慢。沉降速度较慢意味着子颗粒在海水中的停留时间更长,并增加颗粒与细菌的相遇率,导致颗粒有机碳再矿化和碳输出通量的减少,即生物泵效率的降低。

然而,在微米尺度上,海洋颗粒在空间上是孤立的。微生物相互作用通过影响颗粒附着微生物群落中其他微生物的生存,控制着微生物生态系统多样性、物种组成和稳定性,并可能对生态系统过程产生级联效应。因此,我们尝试从微生物群落内的相互作用来理解微生物群落动力学,并试图将这种基本相互作用机制扩展到颗粒附着的微生物群落。通过这种方式,我们希望破解决定大小分粒级颗粒附着微生物群落生物多样性和稳定性的生态机制。

我们使用 2010 年 Malaspina 航次获得的颗粒附着微生物 16s rRNA 数据集研究五种粒级海洋沉降颗粒的微生物群落多样性和网络稳定性的演替规律,并揭示了微生物群落和生态系统特性之间的级联效应。我们的研究表明,同质选择导致大颗粒附着微生物之间栖息地生态位的高度重叠,并增强了物种间的负相互作用。更强的相互作用排斥了其他物种,并导致生物多样性的损失。同时,更强的负相互作用也降低了微生物群落的稳定性。基于这些结果,我们提出了基于颗粒附着微生物生态模式的“Large particle eutrophication”假说,以突出海洋沉降颗粒粒径谱中的潜在生态相互作用。总之,通过研究微生物群落多样性和网络稳定性沿颗粒大小的演替过程,以及微生物群落与生态系统特性之间的级联效应,对更好地理解有机颗粒介导的海洋生物泵黑匣子具有重要意义。颗粒破碎以及随后增加的微生物多样性和海水中的群落稳定性最终导致碳输出通量的衰减和生物泵效率的降低。全球气候变化可能会导致未来海洋中更强的垂直分层和更少的颗粒压载,这可能会导致颗粒附着微生物群落结构的变化,进一步影响微生物多样性和网络稳定性,这可能会对生态系统特性产生级联效应,特别是海洋生物碳汇过程。

关键词: 颗粒相关微生物; 多样性; 稳定性; 海洋颗粒; 海洋生物泵

南海中部海盆小型底栖生物群落和自由生活线虫分类研究

陆洋^{1,2} 黄勇^{3,4*} 孙军^{1,2*}

1. 中国地质大学(武汉)广州南沙地大滨海研究院 广州 511462;

2. 中国地质大学(武汉)生物地质与环境地质国家重点实验室 武汉 430074;

3. 聊城大学 生命科学院 聊城 252000;

4. 生态保育与生物种质资源创新利用山东高校重点实验室 聊城 252059

luyang0539@163.com; huangy@lccu.edu.cn; phytoplankton@163.com

通过现场调查采样、实验室分选分析,对 2020 年 6 月采自南海中部海盆 13 个站位的沉积物样品进行了研究,获得小型底栖生物和自由生活线虫的相关数据。

13 个站位共分选出 14 个小型底栖生物类群,包括自由生活线虫、桡足类、多毛类以及寡毛类等,小型底栖生物平均丰度 $204.4 \pm 55.6 \text{ ind./10 cm}^2$,平均生物量 $914.2 \pm 794.2 \text{ } \mu\text{gdwt/10 cm}^2$,自由生活线虫是最为优势的类群,丰度占小型底栖生物总丰度的 76.2%,其次是介形类(15.5%)和桡足类(4.2%)。垂直分布上,13 个站位 86.3%的小型底栖生物分布在 0–5 cm 的表层。该区域实测自由生活线虫个体干重小于经验系数,为 $0.136 \pm 0.24 \text{ } \mu\text{g/个}$,线虫实测平均生物量 $21.2 \pm 3.8 \text{ } \mu\text{gdwt/10 cm}^2$ 。利用 IBM SPSS Statistics 22 对自由生活线虫丰度和采样点水深进行了相关性分析和检验,结果显示,该调查海域各站位自由生活线虫丰度与水深呈负相关。

13 个站位研究显示,自由生活线虫在摄食类型组成上以选择性沉积食性者(1A)的优势度最高,个体占比 39.5%,刮食者或硅藻捕食者(2A)占比也达到 38.5%。在性别比例上幼体占群落个体总数的 56.5%,雌雄比例为 0.9:1。利用 PRIMER 6 计算该区域各站位自由生活线虫的多样性指数,结果显示,较其他区域相比,调查海域自由生活线虫种类组成丰富、多样性高。对调查海域环境健康状况探究发现,南海中部海盆沉积物环境未受到有机质污染。

13 个站位沉积物样品共鉴定出自由生活海洋线虫 275 种或分类实体,隶属于 142 个属,39 个科,10 个目,2 个纲。优势属为 *Acantholaimus* Allg n, 1933、*Halalaimus* de Man, 1888、*Cervonema* Wieser, 1954 和 *Microlaimus* de Man, 1880 等。发现并描述新种 8 个: *Laimella multiamphida* sp. nov., *Leptolaimus nanhaiensis* sp. nov., *Leptolaimus paraquartus* sp. nov., *Elzalia longicaudata* sp. nov., *Minolaimus distalamphidus* sp. nov., *Linhystera granda* sp. nov., *Actinonema tabernus* sp. nov., *Setoplectus minor* sp. nov. 和新纪录种 5 个: *Greeffiella moppa* Schrage, 1972, *Pararaeolaimus tetradenus* Leduc, 2017, *Diplopeltoides anatolii* (Voronov, 1982) Tchesunov, 1990, *Diplolaimella thailandica* Kito & Aryuthaka, 1998 和 *Metadasynemella falciphalla* Vitiello & Haspeslagh, 1972。

本次报告阐述了南海中部海盆区域深海小型底栖生物群落组成和空间分布,实测该海域线虫个体干重,以及线虫的种类组成和群落结构、区系分布和多样性特征,着重对自由生活海洋线虫进行鉴定,编写南海自由生活线虫种名录,对其中的新种和新纪录种进行描述和发表,补充完善我国自由生活海洋线虫的基础资料。

目前已发表 3 个海洋线虫新种和 3 个新纪录种,已发表新种分别为 *Elzalia longicaudata* sp. nov.; *Minolaimus distalamphidus* sp. nov. 和 *Setoplectus minor* sp. nov. 已发表新纪录种分别为 *Amphimonhystera molloyensis* Tchesunov & Mokievsky, 2005; *Greeffiella moppa* Schrage, 1972 和 *Pararaeolaimus tetradenus* Leduc, 2017。

关键词: 小型底栖生物; 自由生活海洋线虫; 群落结构; 新种; 新纪录种

基于远洋海鸟 GPS 跟踪的中国海域保护空缺研究

程雅畅¹ 曹志海² 薛琳³ 贾楠⁴ 马士胜⁵ 肖恒君⁶ 刘阳¹

1 中山大学生态学院 深圳 518010

2 青岛市海洋管理保障中心 青岛 266100

3 青岛观鸟协会 青岛 266000

4 青岛农业大学海洋科学与工程学院 青岛 266109

5 中国海洋大学海洋生命学院 青岛 266100

6 北京师范大学生命科学学院 北京 100875

chengych3@mail.sysu.edu.cn

海鸟处于海洋生态系统营养级的上层，密切依赖于高度动态且异质化分布的食物资源，是海洋生态健康的指示类群。海鸟种群数量在全球范围内下降迅速，且大多数种类缺乏长期的种群监测和研究。其中鹱形目等远洋海鸟受到的威胁尤其大。我国海域面积广阔、生物多样性高，但目前存在大量保护空缺，海鸟研究也较为匮乏。利用受胁海洋捕食者作为指示物，识别生物多样性保护优先区的方法已在全球得到了广泛应用，但在国内未见报道。故本研究计划针对我国繁殖的近危海鸟白额鹱 (*Calonectris leucomelas*)，利用运动生态学方法，结合稳定同位素分析及遥感技术等手段，探讨其个体在繁殖期间的空间分布，个体和性别特异的觅食模式等问题。最后结合海鸟主要受胁因素，尝试识别潜在保护优先区域。

关键词：运动生态学，海鸟，性别，觅食，GPS 跟踪

渤海湾浮游动物群落及营养结构研究

李丹阳^{1,2}，孙军^{1,2,*}

中国地质大学（武汉）海洋学院 武汉 430074

中国地质大学广州南沙地大滨海研究院 广州 511462

ldy20161026@163.com phytoplankton@163.com

浮游动物通过捕食者与被捕食者之间的关系发挥作用。浮游动物能够限制浮游植物的生长和微生物的产生，同时可被高营养级动物摄食，发挥着连接浮游植物和鱼类的重要作用。浮游动物的种类数、优势物种的组成、生物量等指标与环境因素有显著相关性，因此浮游动物群落结构与水体环境密切相关。海洋生态系统中，温度、盐度、叶绿素 *a*（浓度、营养盐浓度、水深、溶解氧、pH、径流以及潮汐等环境因子变化对浮游动物的生长发育以及数量分布均有所影响，从而也会对浮游动物的群落结构组成产生影响。

海洋生态系统是全球变化的物理、化学、生物和社会进程中不可或缺的一部分，分析和理解海洋生态系统的功能及其对全球变化的响应已成为有效掌握全球海洋生物资源的基础。海洋生态系统的能量流动和物质循环通过食物网（营养结构）实现，海洋食物网与生态系统的多样性、脆弱性和生产力直接相关。因此，食物网研究在海洋生态系统的整合研究中也发挥着不可替代的作用。浮游动物作为海洋食物网中的初级消费者，既能通过摄食浮游植物控制初级生产力的规模，也能被高营养级的动物，如箭虫、鱼类等捕食者摄食而影响渔业资源的产量，是海洋生态系统中物质循环与能量流动的中间环节，对于海洋食物网中营养结构研究具有重要意义。

我们在 2020 年夏季（7 月至 8 月）和秋季（10 月至 11 月）对渤海湾海域开展水文、化学以及生物等海洋综合调查。分析研究了浮游动物群落结构特征，并结合粒径分级与碳氮稳定同位素方法对浮游动物营养结构进行研究。夏季和秋季共同有的优势种是小拟哲水蚤，异体住囊虫，强壮箭虫。除此之外，夏季的优势种还有肥胖三角溞，鸟喙尖头溞，和球形侧腕水母，秋季的优势种还有近缘大眼剑水蚤，中华哲水蚤，拟长腹剑水蚤。浮游动物与环境因子的相关性分析表明，温度和盐度是影响群落结构的主要因素。在营养结构研究中，近岸区域受到陆源输入的高营养盐导致了浮游动物生长受限，使得多样性降低，物种组成简单，因而食物链变得简单。浮游动物不同粒级的稳定同位素比率因为其物种组成和分类之间的改变也存在着季节性变化。

通过研究浮游动物群落，并结合粒径分级以及碳氮稳定同位素方法研究食物网营养结构的动态变化，我们可以了解浮游动物在生态系统物质循环和能量流动中扮演的角色，同时也可以判断有机物来源，探讨陆源输入对浮游动物营养结构造成的影响、预测气候变化下该海域生态系统对气候变化的响应、预估渔业产量以及合理开发和利用渔业资源提供资料。

关键词：渤海湾，浮游动物，碳氮稳定同位素，群落结构，营养结构

浅海山促进真光层细菌相互作用复杂化

刘巍岳 赵峰* 李龙召 徐奎栋*

中国科学院海洋研究所海洋生物分类与系统演化实验室 青岛 266071

liuweiyue@qdio.ac.cn

海山周围独特的水文环境对营养物质的垂直输送有重要影响，而营养物质的输送与微生物分布密切相关。在浅海山附近，光合自养蓝细菌的多样性和相对丰度明显增加，这与海山区营养盐垂直输送的增强密切相关。蓝细菌多样性的增加如何影响细菌间的相互作用？这个问题的答案仍然未知。为了回答这一问题，对寡营养海域浅海山和深海山的细菌群落及细菌间的相互作用进行了研究和比较。以正相关关系为主的细菌相互作用复杂度随着水深的增加先增加，在深层叶绿素最大（DCM）层达到峰值，然后逐渐下降。与深海山相比，浅海山 DCM 层细菌相互作用网络的复杂程度明显更高，其中蓝细菌相关的关系较多，占总相关关系的将近一半。蓝细菌和其他类群之间更多的合作可能促进了浅海山周围上升流增强带来的营养物质的充分利用。此外，蓝细菌通过增加微生物的相互作用提高了一样细菌群落的均匀度。复杂的微生物相互作用和较高的群落均匀度可能有助于维持群落和生态系统的稳定。我们的研究揭示了蓝细菌通过塑造细菌间相互作用和异养细菌均匀度来响应海山效应。

马鞍列岛海洋特别保护区人工生境夏季大型底栖动物组成 年际变化研究

张向东^{1*}，张桢祺²，蒋红³，胡益峰³，柳涛³，张平平²，宋怀颖²，李婷婷¹，蔡惠文^{1,2*}

1. 浙江海洋大学，国家海洋设施养殖工程技术研究中心 浙江舟山 316000

2. 浙江海洋大学，海洋科学与技术学院 浙江舟山 316000

大型底栖动物分布范围广、生命周期长,对环境的变化较为敏感,是水体生态环境的“指示器”,其物种组成、多样性指数和空间分布格局及变化等可以作为监测海洋生态系统变化的有效工具。为探究夏季嵊泗马鞍列岛海洋特别保护区人工生境大型底栖动物的时空分布状况及其与环境因子间的关系,分别于 2010 年、2012 年、2013 年、2016 年、2017 年和 2018 年 8 月对该保护区 6 个点位进行大型底栖动物与环境因子调查。结果显示:共采集到大型底栖动物 61 种,以环节动物(37.70%)和软体动物(26.23%)为主。在调查年份中,各年份优势种变化明显,2010 年以软体动物为主,2012 年首次采集到环节动物,2016、2017 年环节动物占比进一步增大,2012-2017 年优势种群演化明显,2010 年和 2016 年的共有优势种为彩虹明樱蛤(*Tellina iridescens*),2016 年和 2017 年的共有优势种为不倒翁虫(*Sternaspis scutata*)。空间分布上,枸杞岛养殖区外围海域物种数目较少,且以环节动物为主;壁下乡和枸杞岛养殖区的核心区物种数目增多,环节动物比例由南到北呈先增加后减少再增加趋势;密度和生物量均呈由西北向东南海域递增的分布趋势,高值区主要出现在枸杞岛附近海域。年际变化上,物种数目变化趋势为 2018 年>2012 年>2010 年,而总密度及总生物量变化趋势相似,都在 2013 年达到最大值,在 2017 年达到最小值。多样性分析显示,物种多样性指数(H')范围为 2.10~3.07,丰富度指数(D)为 2.69~7.47,均匀度指数(J')为 0.75~0.89,物种多样性在时间和空间分布上均存在差异性。相关性分析表明,造成该海域大型底栖动物组成结构以及生物多样性变化的环境因子主要有底层水体温度、溶解氧浓度和营养盐水平。相关性 heatmap 分析也表明,不同的底栖动物对环境因子响应差别较大。本研究结果可为嵊泗马鞍列岛海洋特别保护区大型底栖动物资源的保护与修复提供依据。

关键词 大型底栖动物;群落结构;马鞍列岛海洋特别保护区;影响因子

中国蓝碳生态系统保护现状和问题

贺丁华¹, 崔振华¹, 严锦濛¹, 顾草林¹, 赵鹏^{2*}

1.海南大学旅游学院,海南 海口 576000

2.海南大学南海海洋资源利用国家重点实验室,海南 海口 576000

zp-zp@163.com

红树林、海草床、滨海盐沼、大型海藻组成的滨海蓝碳生态系统在对碳的固定中发挥着重要作用,并对减缓全球气候变化做出了重要贡献。然而在过去的半个世纪中,由于过度捕捞和海岸带的开发等原因,中国超过 50% 的蓝碳生态系统已经消失。本研究分析了有关蓝碳的法律法规,根据已将蓝碳列入保护对象的自然保护区、湿地公园和海洋公园分布情况,以及我国现存各类蓝碳生态系统的分布情况,构建蓝碳生态系统保护力度模型。研究发现:我国现存的法律政策中涉及红树林较多,涉及海藻场、海草床的文件较少;各种类型保护地数量在空间分布上存在空缺,在行政区划上分布失衡,南方的保护要普遍优于北方;各形式的保护地之间界定模糊,有的保护地同时存在好几种身份,造成了资源的重叠和浪费。本研究为充分了解我国沿海蓝碳生态系统保护情况,健全蓝碳生态系统保护体系提供了基础。

关键词: 蓝碳生态系统;碳固定;气候变化;保护

基于大型底栖功能群分析的生态健康评估——以中国

长江口人工牡蛎礁为例

张亦南, 张杭君, 赵云龙, 刘志权*

杭州师范大学生命与环境科学学院 杭州 311121

华东师范大学生命科学学院 上海 200062

zhangyinan98@163.com

重视生境修复和资源养护,是我国河口地区建设的重要方向。人工牡蛎礁由牡蛎等附着生物和人工构造物组成,具备多项生态功能,是一种有效的河口修复手段。本研究针对长江口人工牡蛎礁,通过数据收集、野外调查和结果的统计分析来研究人工牡蛎礁的大型底栖群落特征及其生态健康状况,以期为长江口生态修复计划的未来规划及实施提供理论支撑。主要结果如下:在 2004-2018 年期间,该人工牡蛎礁牡蛎种群总体呈现出快速增长后趋于稳定的状况,证实了在长江口建造人工牡蛎礁的可行性;在 2016 年 4 月至 2017 年 10 月期间进行大型底栖动物群落结构实地采样调查,根据不同盐度设置采样点,结果表明,该人工牡蛎礁大型底栖动物功能群共分为 5 个功能群,其物种丰富度、多度和生物量在高盐度区域最大,而中等盐度条件下会缺失 1 至 2 个功能群;均匀度指数 J_{m} 表明,在建造 14 年后,人工牡蛎礁的生态系统健康状况良好,并能高盐度条件下达到良好的健康水平,而中等盐度水平生态健康水平较低可能是一些功能群的缺失导致的;冗余分析表明,生态系统健康与盐度和基质因子(溶解氧、pH 值、温度)等环境变量的变化有关。上述结果表明,长江口人工牡蛎礁在盐度适宜区域具有很好的可行性,但在低盐度区域可能需要一定人为辅助,如增殖放流部分关键物种。

基于环境 DNA 技术监测海湾鱼类多样性---以东山湾为例

李伟文^{1,2,3}, 何韦宜¹, 王磊, 欧丹云, 黄浩^{1,2,3*}

1.自然资源部第三海洋研究所 厦门 361005

2.自然资源部海峡西岸海岛海岸带生态系统野外科学观测研究站 厦门 361005

3.福建省漳州海岛海岸带野外科学观测研究站 厦门 361005

liweiw@tio.org.cn

近年来,东山湾随着环境污染及捕捞强度的增加,生物多样性逐渐下降。鱼类多样性是海湾生态系统健康监测的关键指标,对促进海湾生态系统的管理和保护起着至关重要。传统鱼类多样性调查主要采用拖网、定置网、刺网等方式,需要消耗大量的时间、人力和财力,且对鱼类具有损害性。本研究采用基于环境 DNA (Environmental DNA, eDNA)的技术分析了东山湾 17 个站点 29 份水体样本中的 DNA。eDNA 的测序结果显示,监测到的鱼类均为辐鳍鱼纲,隶属于 20 个科,22 个属。确定的物种数目为 19 种,隶属于 16 个科,18 个属。根据检测到的 OTU 种类,东山湾鱼类分类单元中相对丰度较高的 10 个科由高至低依次为鲭科 (Scombridae)、鲻科 (Mugilidae)、鲷科 (Sparidae)、鲱科 (Clupeidae)、长鲳科 (Centrolophidae)、鼬鲷科 (Ophidiidae)、海鲢科 (Elopidae)、石首鱼科 (Sciaenidae)、合齿鱼科 (Synodontidae)、灯笼鱼科 (Myctophidae),各站位中鲻科 (Mugilidae) 相对丰度最

高。不同站位和水层之间的主要优势类群存在差异，岛礁周围多样性高于非岛礁周围区，近岸区域普遍高于航道区域，其分布规律与基于拖网的调查结果基本一致。基于 eDNA 技术的海湾鱼类多样性监测，可以成为海湾生态监测的重要辅助技术。

关键词：鱼类多样性；环境 DNA；东山湾；监测

浮游生物群落对当前沿海环境变化的不同响应

魏玉秋*

中国水产科学研究院黄海水产研究所 青岛 266071

weiyuqiu@163.com

全球气候变化主要是人类活动的结果，并被认为与海洋酸化、暖化、富营养化、分层和缺氧等现象密切相关，这些环境变化对海洋生态系统具有广泛的生态和生物地球化学影响。由于浮游生物群落的变化通常是由海洋中不同的物理、化学和捕食环境等驱动，因此海洋生态系统中的浮游生物群落不可避免地受到上述海洋环境变化的影响。然而，目前关于多重环境变化对沿海生态系统中浮游生物群落的影响研究相对有限，相关数据比较匮乏。因此，我们分析了受人类活动和气候变化影响较大的渤海海域近 3 年来（2019-2021）的生物和环境参数，揭示了浮游生物群落对当前沿海环境变化的不同响应，主要表现为浮游植物的丰度、物种数量和多样性增加，而浮游动物的丰度、物种数量和多样性却减少。浮游植物和浮游动物的这些不同变化可能是由于 pH 下降导致的酸化和温度升高导致的暖化的共同影响，其有利于浮游植物的生长而不利于浮游动物的生长。此外，水体的富营养化、盐度以及重金属 Hg、Zn 和 As 对浮游植物和浮游动物的动态变化也有不同程度的影响。但是，随着沿海区域人类活动和气候变化的日益突出，我们预测发现在未来海洋酸化和暖化的相互作用下，浮游植物和浮游动物的丰度都将减少。

关键词：全球气候变化，人类活动，沿海生态系统，浮游生物，多样性

海洋颗粒相关微生物多样性和稳定性的演替

谷挺^{1,2}，陈卓^{1,2}，孙军^{1,2*}

¹中国地质大学广州南沙地大滨海研究院 广州 511462；

²中国地质大学（武汉）生物地质与环境地质国家重点实验室 武汉 430074

guting2019@163.com

海洋生物碳泵产生有机碳，并通过颗粒沉降过程将有机碳从表层海洋输送到深海。然而，只有 5-25% 的固定碳输出至真光层以下，最终只有不到 1% 的固定碳到达海底。海洋颗粒的沉降和碳的垂直输出受到物理、化学和生物过程的复杂相互作用的影响，这可能会导致颗粒的破碎，由此产生的子颗粒比原始颗粒下沉得更慢。沉降速度较慢意味着子颗粒在海水中的停留时间更长，并增加颗粒与细菌的相遇率，导致颗粒有机碳再矿化和碳输出通量的减少，即生物泵效率的降低。

然而，在微米尺度上，海洋颗粒在空间上是孤立的。微生物相互作用通过影响颗粒附着

微生物群落中其他微生物的生存,控制着微生物生态系统多样性、物种组成和稳定性,并可能对生态系统过程产生级联效应。因此,我们尝试从微生物群落内的相互作用来理解微生物群落动力学,并试图将这种基本相互作用机制扩展到颗粒附着的微生物群落。通过这种方式,我们希望破解决定大小分粒级颗粒附着微生物群落生物多样性和稳定性的生态机制。

我们使用 2010 年 Malaspina 航次获得的颗粒附着微生物 16s rRNA 数据集研究五种粒级海洋沉降颗粒的微生物群落多样性和网络稳定性的演替规律,并揭示了微生物群落和生态系统特性之间的级联效应。我们的研究表明,同质选择导致大颗粒附着微生物之间栖息地生态位的高度重叠,并增强了物种间的负相互作用。更强的相互作用排斥了其他物种,并导致生物多样性的损失。同时,更强的负相互作用也降低了微生物群落的稳定性。基于这些结果,我们提出了基于颗粒附着微生物生态模式的“Large particle eutrophication”假说,以突出海洋沉降颗粒粒径谱中的潜在生态相互作用。总之,通过研究微生物群落多样性和网络稳定性沿颗粒大小的演替过程,以及微生物群落与生态系统特性之间的级联效应,对更好地理解有机颗粒介导的海洋生物泵黑匣子具有重要意义。颗粒破碎以及随后增加的微生物多样性和海水中的群落稳定性最终导致碳输出通量的衰减和生物泵效率的降低。全球气候变化可能会导致未来海洋中更强的垂直分层和更少的颗粒压载,这可能会导致颗粒附着微生物群落结构的变化,进一步影响微生物多样性和网络稳定性,这可能会对生态系统特性产生级联效应,特别是海洋生物碳汇过程。

关键词: 颗粒相关微生物; 多样性; 稳定性; 海洋颗粒; 海洋生物泵

马鞍列岛海洋特别保护区人工生境夏季大型底栖动物组成 年际变化研究

张向东^{1*}, 张祯祺², 蒋红³, 胡益峰³, 柳涛³, 张平平², 宋怀颖², 李婷婷¹, 蔡惠文^{1,2*}

1. 浙江海洋大学, 国家海洋设施养殖工程技术研究中心 浙江舟山 316000

2. 浙江海洋大学, 海洋科学与技术学院 浙江舟山 316000

3. 舟山市海洋环境监测中心 浙江舟山 316000

zhangxiangdong@zjou.edu.cn

大型底栖动物分布范围广、生命周期长,对环境的变化较为敏感,是水体生态环境的“指示器”,其物种组成、多样性指数和空间分布格局及变化等可以作为监测海洋生态系统变化的有效工具。为探究夏季嵊泗马鞍列岛海洋特别保护区人工生境大型底栖动物的时空分布状况及其与环境因子间的关系,分别于 2010 年、2012 年、2013 年、2016 年、2017 年和 2018 年 8 月对该保护区 6 个点位进行大型底栖动物与环境因子调查。结果显示:共采集到大型底栖动物 61 种,以环节动物(37.70%)和软体动物(26.23%)为主。在调查年份中,各年份优势种变化明显,2010 年以软体动物为主,2012 年首次采集到环节动物,2016、2017 年环节动物占比进一步增大,2012-2017 年优势种种群演化明显,2010 年和 2016 年的共有优势种为彩虹明樱蛤(*Tellina iridescens*),2016 年和 2017 年的共有优势种为不倒翁虫(*Sternaspis scutata*)。空间分布上,枸杞岛养殖区外围海域物种数目较少,且以环节动物为主;壁下乡和枸杞岛养殖区的核心区物种数目增多,环节动物比例由南到北呈先增加后减少再增加趋势;密度和生物量均呈由西北向东南海域递增的分布趋势,高值区主要出现在枸杞岛附近海

域。年际变化上,物种数目变化趋势为 2018 年>2012 年>2010 年,而总密度及总生物量变化趋势相似,都在 2013 年达到最大值,在 2017 年达到最小值。多样性分析显示,物种多样性指数(H')范围为 2.10~3.07,丰富度指数(D)为 2.69~7.47,均匀度指数(J')为 0.75~0.89,物种多样性在时间和空间分布上均存在差异性。相关性分析表明,造成该海域大型底栖动物组成结构以及生物多样性变化的环境因子主要有底层水体温度、溶解氧浓度和营养盐水平。相关性 heatmap 分析也表明,不同的底栖动物对环境因子响应差别较大。本研究结果可为嵯峨列岛海洋特别保护区大型底栖动物资源的保护与修复提供依据。

关键词 大型底栖动物;群落结构;马鞍列岛海洋特别保护区;影响因子

沿海水域缺氧情况下致病菌显著增加：渤海中部的连续观察

郭溢炎

天津科技大学 天津 300222

gyytust@163.com

病原菌在沿海水域的传播危及当地人民的健康,并危害到海洋环境的安全。然而,它们在渤海(BHS)季节性缺氧期间的动态变化还没有被研究。在此,我们从 16S rRNA 基因测序数据库中检测到了致病菌,并利用这些致病菌来探索它们在渤海逐渐缺氧时的动态变化和驱动因素。我们的结果显示,所有样品中都检测到致病菌,占每个样品中原核生物序列总数的 0.13%至 24.65%。 β -多样性分析表明,致病菌具有高度的时间异质性,并受到环境因素的调控。根据 RDA 分析,这些变化可能受到盐度、氨、DO、磷酸盐、硅酸盐和 Chl a 的影响。此外,8 月份发现地表水和缺氧区的病原菌明显分离。病原菌群落的垂直分布受到几个变量的影响,包括 DO 和营养。值得注意的是,缺氧区增加了某些病原菌属的丰度,特别是弧菌和阿卡菌,而且从 5 月到 8 月,病原菌群落的稳定性增加。这些现象表明,渤海中部从 5 月到 8 月受到越来越严重的病原菌群落的威胁。而未来发展中的缺氧区可能会加剧这种现象,对人类健康构成更严重的威胁。本研究对水生生态系统中病原菌的变化有了新的认识,可能有助于制定有效的政策来控制病原菌的传播。

Physiological Changes and Elemental Ratio of *Scrippsiella trochoidea* and *Heterosigma akashiwo* in Different Growth Phase

Xiaofang Liu, Jun Sun

China University of Geosciences, Beijing, 100083

liuxiaofang425@163.com

The elemental ratios in phytoplankton are important for predicting biogeochemical cycles in the ocean. However, understanding how these elements vary among different phytoplankton taxa with physiological changes remains limited. In this paper, we determine the combined physiological–elemental ratio changes of two phytoplankton species, *Scrippsiella trochoidea* (Dinophyceae) and *Heterosigma akashiwo* (Raphidophyceae). Our results show that the cell growth period of S.

trochoidea (26 days) was significantly shorter than that of *H. akashiwo* (32 days), with an average cell abundance of 1.21×10^4 cells·mL⁻¹ in *S. trochoidea* and 1.53×10^5 cells·mL⁻¹ in *H. akashiwo*. The average biovolume of *S. trochoidea* (9.71×10^3 μm³) was higher than that of *H. akashiwo* (0.64×10^3 μm³). The physiological states of the microalgae were assessed based on elemental ratios. The average ratios of particulate organic nitrogen (PON) to chlorophyll-a (Chl-a) and particulate organic carbon (POC) to Chl-a in *S. trochoidea* (57.32 and 168.16) were higher than those of *H. akashiwo* (9.46 and 68.86); however, the ratio of POC/PON of the two microalgae was nearly equal (6.33 and 6.17), indicating that POC/Chl-a may be lower when the cell is actively growing. The physiological variation, based on the POC/Chl-a ratio, in different phytoplankton taxa can be used to develop physiological models for phytoplankton, with implications for the marine biogeochemical cycle.

基于多元统计技术的地表水水质评价——以于桥水库汇集区为例

王子铭^{a,1}, 贾岱^{a,1}, 宋帅^{b,c}, 孙军^{a,d,e,*}

^a 天津科技大学海洋与环境学院 天津 300457;

^b 中国科学院生态环境研究中心 北京 100085;

^c 中国科学院大学 北京 100049;

^d 中国地质大学(武汉)海洋高级研究院 广州 511462;

^e 中国地质大学(武汉)生物地质与环境地质国家重点实验室 武汉 430074

phytoplankton@163.com; jiadai__kl@163.com

于桥水库汇集区水质正在给当地的生物多样性带来威胁。对潜在污染源的划分是水污染控制的关键。为此作者于2015 - 2016年,在当地10个地表水采样站点,按月度调查15项水质参数,分析其统计特征,采用多种传统数学分析方法对华北地区于桥水库及其周边河流水质进行了评价,确定了潜在污染源并对其进行了量化分配。根据WQI水质分析法,于桥水库汇集区地表水 COD、TN、TP、Chl α 浓度存在超标情况,其它11项水质参数符合标准。聚类分析(CA)将数据集分为三组:7月至9月、12月至3月和剩下的月份。PCA/FA数学方法识别出7项污染来源,可解释整体数据的79.7% - 86.4%,主要来源包括城市、农村、工业、自然因素、化肥、上游和车辆。APCS-MLR模型分配结果显示,不同时期最主要的三项污染源及其污染贡献率依次为:上游来源(26.6%)>城区生活源(21.5%)>尾气排放源(10.9%) (7月至9月),上游来源(26.4%)>城区生活源(19.0%)>化肥施用源(18.8%) (12月至次年3月),上游来源(22.3%)>农村生活源(19.8%)>化肥施用源(15.8%) (4月至6月,10月至11月)。上游来源和城区生活源占据了最多的比例。经测试,APCS-MLR模型的R²达到略高于0.85的高拟合度水平,说明这一拟合效果能够较好的解释数据的实际情况。这说明,于桥水库的生物多样性所需的水环境的修复,需要不仅在上游和污水处理方面,而且在化肥和工业方面均需采取措施。

关键词: 于桥水库; 水质评价; 统计模型; 污染源解析

基于 PSR-FCCLP 模型的渤海湾 TN 和 TP 总最大分配负荷 优化研究

谷瑞¹, 许岩², 李照光¹, 鉴珊¹, 屠建波³, 何姝⁴, 孙军^{2*}

1. 天津科技大学海洋与环境学院 天津 300457;

2. 中国地质大学(武汉)海洋学院 武汉 511462;

3. 天津海洋环境监测中心站 天津 300457;

4. 深圳市宇驰检测技术股份有限公司 深圳 518000

gurui19990117@163.com

沿海富营养化造成了全球性的生态危机,包括有害藻华的产生、缺氧区的形成和生物多样性的减少。由于经济和社会的快速发展,中国渤海湾的沿海水域在过去几十年中遭受了严重的富营养化。这与排入海洋的陆源总氮(TN)和总磷(TP)的增加密切相关。因此,迫切需要管理 TN 和 TP 的总最大分配负荷(TMALs)。在本研究中,我们提出了基于“压力-状态-响应”(PSR)模型的模糊可信度约束线性规划(PSR-FCCLP),并将其应用于渤海湾 TN 和 TP 的 TMALs 管理。具体而言,从经济-资源-环境(ERE)系统的角度,我们建立了 PSR 模型,以评估渤海湾五个沿海城市的污染物拦截系数(PIC),并通过熵权 TOPSIS 模型量化 PIC。之后,我们引入了模糊可信度约束线性规划(FCCLP)来解决 PIC 的不确定性。在本文中,我们将渤海湾划分为七个流域单元,并计算了三个可信度水平($\lambda=0.55$ 、0.75 和 0.95)下 TN 和 TP 的 TMALs。结果表明:(a)当可信度从 0.55 提高到 0.95 时,渤海湾 TN 和 TP 的 TMALs 分别从 13573.38 t/a 降低到 12820.00 t/a,从 2665.58 t/a 下降到 2514.90 t/a;(b)在三个可信度水平下,滦河流域 TN 和 TP 的 TMALs 占比最高,子牙河流域占比最低;(c)可信度水平越低,污染控制越不保守,污染物分配负荷越大。在实际的环境管理过程中,决策者可以根据区域经济发展、资源供应和生态状况的差异设置可信度水平,以实现污染物分配负荷的满意结果,并制定合理的环境管理计划。本研究将为沿海地区的环境管理提供科学依据。

关键词: 总最大分配负荷; 压力-状态-响应(PSR)模型; 模糊可信度约束规划; 环境管理

2020 年渤海湾大型底栖动物的物种和功能多样性及其底栖 生态评价

施义锋¹, 徐文喆¹, 孙军^{1,2,3}

1. 天津科技大学印度洋生态系统研究中心 天津 300457;

2. 中国地质大学(武汉)广州南沙地大滨海研究院 广州 511462;

3. 中国地质大学(武汉)生物地质与环境地质国家重点实验室 武汉 430074

shiyifeng185@163.com

本研究调查了 2020 年夏秋季渤海湾大型底栖动物群落的结构和功能。两个季节共记录到物种 166 个,其中敏感物种的数量较以往的记录有所增加。物种数的历史变化显示群落有

恢复的迹象,而功能多样性指数的分析则表明渤海湾大型底栖动物群落可能还处于恢复的早期阶段。然而 BIO-ENV 分析表明,生境的不稳定性可能会阻碍群落的恢复。生态评价方面,基于 M-AMBI 的评价结果表明,渤海湾大部分区域底栖生态状况良好,少数河口区域的生境状况较差。

关键词: 渤海湾; 大型底栖动物; 生物多样性; 功能多样性; 生态评价

纬度影响下北半球海洋生物多样性时空归趋

李宁川, 许 岩*, 黄 菲, 霍棚滕

中国地质大学(武汉)海洋学院 武汉 430074

790703059@qq.com

地球上的生态系统多种多样,而生命的分布也并不是均匀,其受到气候、环境、地质条件、人类活动等众多要素的影响。目前普遍认为,物种多样性随着地球纬度的增加而降低,两极地区生物多样性普遍较低,而赤道附近生物多样性较高。这种模式在陆地和海洋中同时存在,从哺乳动物和鸟类,到昆虫甚至陆生植物,在各种动植物群落中都有记录。了解海洋生态系统的生物多样性和功能,以及它们如何应对全球变化和人类活动,对于维持与自然共生的和谐可持续性的人类社会发展至关重要,因为人类直接或间接地依赖于海洋生物。本文从北半球生物地理过渡带附近,选取了白令海、日本海、阿拉伯海等位于北半球不同纬度带的海洋生物多样性较为丰富的典型海域。并通过研究不同海域不同物种生物数量的年度变化,分析其生态系统的变化及海洋生物多样性的变化。通过数据库相关信息,利用 R 语言分析北半球海洋生物多样性随纬度变化的时空归趋。并通过生物多样性多元统计方法对这几个海域的海洋生物多样性的变化状况做预测。结果显示,低纬度的阿拉伯海域物种数自 1993 年到 2001 年趋势为逐渐增加,2001 年之后趋势为逐渐减少;中纬度地区日本海海域物种数自 1999 年到 2011 年趋势为逐渐增加,2011 年之后趋势为逐渐减少;高纬度地区的白令海海域物种数自 2005 年到 2015 年趋势为逐渐增加,2015 年之后趋势为逐渐减少;其中中纬度地区的日本海海域中生物多样性最高,并不是普遍意义上的热带地区生物多样性最高,这可能与全球气候变化引发的海洋升温问题直接相关,需要进一步探究其内在机制。

关键词: 海洋生物; 生物多样性; 纬度梯度; 多元统计方法; 日本海; 阿拉伯海; 白令海

探究海洋杆菌和芽孢杆菌对颗石藻源 DOM 的影响

王雪茹

天津科技大学 天津 300457

wangxueru862@163.com

在本研究中,研究了来自颗石藻(*Chrysotila dentata*)的溶解有机物(DOM)的释放和微生物孵化。利用荧光激发-发射矩阵(EEM)结合平行因子分析(EEM-PARAFAC),使用海洋杆菌(CA6)和芽孢杆菌(CF2)来探索 *Chrysotila dentata* 衍生的 DOM 的影响。并利用 peakpick 技术确定了五个成分, B 峰(类酪氨酸)、C 峰(类腐殖质)、A 峰(类腐殖质)、

T 峰（类色氨酸）和 M 峰（类腐殖质）。然后，我们通过测定四种荧光指数来评估 DOM 的处理情况，并测试了海洋杆菌（CA6）和芽孢杆菌（CF2）对 *C. dentata* 生长的影响。这项研究说明，海洋杆菌（CA6）和芽孢杆菌（CF2）可以促进颗石藻的生长。另一方面，这两种细菌都参与了 DOM 的转化。在人工海水中，海洋杆菌（CA6）和芽孢杆菌（CF2）可以利用其自身生产的类色氨酸和类酪氨酸成分。CA6 细菌处理后，腐殖质类成分没有变化，而 CF2 细菌的腐殖质类成分呈现出波状变化。当 *C. dentata* 单独培养时，它能产生和利用类蛋白质成分，其腐殖质成分没有明显上升的趋势。当细菌在滤液中培养时，CA6 细菌在前期可以利用了酪氨酸类成分，然后达到生产和消耗的平衡。相反，CF2 细菌在早期阶段生产多于消耗，而在后期阶段消耗多于生产。细菌不能有效利用滤液中的色氨酸类成分。腐殖质类成分继续在滤液中积累，其中 CA6 细菌处理的腐殖质类成分比 CF2 细菌多。当这两种细菌分别加入 *C. dentata* 时，它有效地利用了 *C. dentata* 产生的类色氨酸成分。在最后一段时间，色氨酸类荧光体的生产量大于消耗量。同时，海洋杆菌（CA6）可以利用比滤液更多的酪氨酸类成分。两种细菌都能有效地增加腐殖质类成分的积累，其中海洋杆菌组的腐殖质类成分积累多于芽孢杆菌组，然后细菌处理过的滤液组的腐殖质类成分多于细菌处理过的颗石藻组的类腐殖质成分。

Chromosome-level Genome Provides Insights into Environmental Adaptability and Innate Immunity in the Common Dolphin (*Delphinus delphis*)

Kui Ding^{1,2}, Qinzeng Xu^{1,2}, Liyuan Zhao³, Yixuan Li^{1,2}, Zhong Li^{1,2}, Wenge Shi^{1,2}, Qianhui Zeng³,
Xianyan Wang^{3*} and Xuelei Zhang^{1,2*}

¹Key Laboratory of Marine Eco-Environmental Science and Technology, First Institute of Oceanography, Ministry of Natural Resources, Qingdao, China.

²Laboratory of Marine Ecology and Environmental Science, National Laboratory for Marine Science and Technology.

³Key Laboratory of Marine Ecological Conservation and Restoration, Third Institute of Oceanography, Ministry of Natural Resources, Xiamen, China.

* zhangxl@fio.org.cn; wangxianyan@tio.org.cn

The common dolphin (*Delphinus delphis*) is widely distributed worldwide and well-adapted to various habitats in temperate, subtropical, and tropical seas. Animal genomes store clues about their pasts and can reveal the genes underlying their evolutionary success. Here, we report the first high-quality chromosome-level genome of *D. delphis*. The assembled genome size was 2.56 Gb with a contig N50 of 63.85 Mb and a scaffold N50 of 108.93 Mb. Approximately 93.81% of contigs were anchored onto 22 chromosomes. Phylogenetically, *D. delphis* was located close to *Tursiops truncatus* and *T. aduncus*, and exhibited high synteny with *T. truncatus*. The genome of *D. delphis* exhibited 428 expanded and 1,885 contracted gene families, and 120 genes were identified as positively selected. The expansion of the HSP70 gene family indicated that *D. delphis* has a powerful system for buffering stress, which might be associated with its broad adaptability, longevity, and detoxification capacity. The expanded IFN- α and IFN- ω gene families, as well as the positively selected genes encoding tripartite motif-containing protein 25, peptidyl-prolyl cis-trans isomerase NIMA-interacting 1, and p38 MAP kinase, were all involved in

pathways for antiviral, anti-inflammatory, and antineoplastic mechanisms in *D. delphis*. The genome data also revealed dramatic fluctuations in the effective population size of *D. delphis* during the Pleistocene. Overall, the high-quality genome assembly and annotation represent significant molecular resources for ecological and evolutionary studies of *Delphinus* and help support their sustainable treatment and conservation.

Keywords: *Delphinus delphis*, Genome sequencing, Chromosome assembly, Comparative genomics, Demographic history

专题 5. 草原生物多样性（召集人：贺金生、井新）

气候变化对草地植物多样性影响的思考

汪诗平

中国科学院青藏高原研究所 北京 100101

wangsp@itpcas.ac.cn

气候变化正在并将继续影响全球陆地生态系统的结构和功能,其中天然草地植物多样性对气候变化尤为敏感。目前国内外很多研究者利用长期观测和定位控制试验开展了气候变化对草地植物多样性影响的研究,但由于研究的气候-草地类型、研究方法、时空尺度等不同,尚未有一致的结论。特别是放牧是天然草地的主要利用方式,其与气候变化的耦合可能共同塑造了草地植物多样性的格局;另外,长期气候变化包括增温和降温等情景,以前更多的关注增温的效应而忽略了降温的效应,是否增温与降温的效应是镜像关系很少得到关注。还有,植物为了适应气候变化可能会追踪气候变化而向高海拔高纬度迁移,这些过程对当地草地的植物多样性有何影响也是值得关注的科学问题。因此,本报告将试图对上述问题进行思考,阐述目前尚未有一致结论的可能原因。

三江源区高寒草地退化与修复治理的理论和实践

周华坤 张中华 马丽

中国科学院西北高原生物研究所 西宁 810008;

青海省寒区恢复生态学重点实验室 西宁 810008

hkzhou@nwipb.cas.cn

三江源区是中国乃至亚洲重要的生态功能区域,是我国青藏高原重要生态屏障的主体。然而,由于历史上长久的过度放牧以及目前日益显著的气候变化趋势,三江源区高寒草地依然呈现退化加剧、草地生物多样性减少的变化趋势。通过对草地植被-土壤的生物多样性和生态系统功能综合分析,为量化高寒草地恶化原因、实现退化高寒草地的可持续恢复提供了技术理论的助力。本报告首先综述了三江源高寒草地的退化现状,然后综合 meta 分析和定点采样手段从物种多样性、物种均匀度、群落结构等生物多样性角度分析了高寒草地退化过程中的生态系统地上部分的变化过程,结合土壤生态系统的变化趋势以及恢复力、稳定性等生态系统功能,解答了三江源高寒草地的恶化原因及影响因素的权重,并基于近年来退化草地恢复治理实践的经验技术,构建了退化高寒草地的修复治理技术和模式,提出了青藏高原高寒草地管理新模式。这将加强人为干扰和气候干扰对高寒草地生物多样性影响及其反馈机制的认识,为典型脆弱区草地生物多样性的保护、生态功能维持提供科技支撑。

关键词: 三江源、高寒草地、物种多样性、退化、恢复力

氮素输入对草甸草原多类群生物多样性的影响

吕晓涛 张志委

中国科学院沈阳应用生态研究所 沈阳 110016

lvxiaotao@iae.ac.cn

大气氮沉降量的增加严重威胁草原生物多样性,影响其群落组成。目前,大部分研究仅关注了单一生物类群多样性对氮沉降的响应,而针对氮沉降背景下地上与地下不同生物类群多样性的同步对比性及关联性研究较为缺乏。这在一定程度上限制了我们对氮沉降影响生物多样性的全面了解。依托中国科学院应用生态研究所额尔古纳森林草原过渡带生态系统研究站建立的草甸草原氮素添加实验平台,选择了 6 个添加水平(0、2、5、10、20 和 50 g N m⁻² yr⁻¹),对比分析了植物多样性与地下细菌、真菌和线虫多样性对不同氮素添加量的响应以及地上与地下生物类群多样性的耦联关系。研究结果显示植物、土壤细菌、真菌和线虫等四类生物类群多样性对氮素添加量增加的响应模式及主要驱动因素并不相同,但植物群落多样性与细菌、线虫的多样性以及土壤线虫多营养级多样性均存在紧密耦联关系。

关键词: 生物多样性、微生物多样性、植物多样性、线虫多样性、草原、土壤酸化

氮沉降对内蒙古典型草原植物 β 多样性的影响

张云海 任正汝 张雨秋 陈旭

中国科学院植物研究所 北京 100093

zhangyh670@ibcas.ac.cn

人类活动引起的氮沉降增加会影响植物群落构建(群落间物种组成变化, β 多样性)。氮沉降中铵硝比例正在发生变化,且物种一般有铵态氮或者硝态氮的吸收利用偏好。但是不同比例的铵硝态氮比是否影响到 β 多样性及其在时间尺度上的变化完全未知。2014–2020 年间,我们在中国内蒙古草原开展了对照和 3 个铵硝比例(铵硝 5:1, 1:1, 1:5)氮素添加实验。基于 metacommunity 理论,计算 α (local species richness), γ (regional species richness), β 多样性 (γ/α), 并且量化物种迁出/迁入对 β 多样性时间变化的影响。我们发现,铵硝比显著影响 α 和 γ 多样性,对 β 多样性影响不显著。铵硝比例输入没有改变 α , β 与 γ 多样性间正相关关系,但其斜率均在铵硝比 1:1 输入时最大。 β 多样性时间变化随物种迁出增加,随物种迁入降低,铵硝 1:1 添加加剧了这个过程。此外,常见种迁出和稀有种迁入导致 β 多样性相对上一年差异增加(随时间推移异质性增大化);常见种迁入和稀有种迁出导致 β 多样性相对上一年差异降低。这些结果表明铵硝比输入会显著影响了群落构建的时间动态变化,且铵硝比 1:1 输入可能会加快(高估) β 多样性变化,且由物种稀有程度的迁出/迁入决定。因此,由于大气氮沉降组分中铵态氮和硝态氮已经发生变化,未来模拟氮沉降实验研究中如果仍然采用硝酸铵或者单一氮形态均不能准确评估氮沉降对内蒙典型草原生态系统物种组成、群落构建和生态系统功能的影响。

关键词: 温带草原, 群落构建, 氮素输入, 氮素富集, 氮沉降组分, 铵硝比

落实草地生物多样性研究：融合性状生态学与本土知识

牛克昌

南京大学生命科学学院, 南京 210023

kechangniu@nju.edu.cn

随着人类活动和全球环境变化的加剧, 近 50 年来草地生物多样性保育和可持续发展成为科研工作者们研究的重要主题, 也成为政策管理者关切的重要话题。科研工作者们发表了大量的论文以期阐明草地生物多样性的形成、维持和变化机理及其与生态系统功能及服务的关系; 管理者们也制定了一系列的法规政策, 试图优化管理、促进草地可持续利用。然而, 对草地最为了解的本土牧民及其文化知识却往往被忽视! 在几千年与草地同呼吸共生存中, 牧民总结了非常丰富而切实可行的草地生物多样性和生态学实践知识。结合本土文化, 我们以故事、谚语等各种形式, 口口相传、代代继承和发展这些知识。但由于缺乏所谓的科学依据, 这些宝贵的实践知识却被科学研究和政策制定所忽视, 另一方面, 少有科学研究成果和政策规定可被当地群众所理解、在实践中得以贯彻和落实。其中一个重要的原因是由于生物多样性和生态学研究以物种为核心, 而牧人对草地的认识以各种直观的性状为基础。为此, 近年来我们努力尝试融合前沿的性状生态学与本土知识及文化, 试图落实草地生物多样性和生态学研究, 同时以科学研究检验和评估草地相关的本土知识和文化, 为更好地促进草地可持续管理尽绵薄之力。例如, 我们根据性状生态学理论, 融合藏文化和本土知识, 探讨了高原鼠兔灾害频发的原因, 发现土壤肥力, 尤其是土壤可利用性磷缺失, 使高寒草地植物更加低矮、更趋于资源保守型 (种内性状变异而非物种周转主导这种变化), 为高原鼠兔提供了更多且高质量的食物资源, 并降低了鼠兔被扑食的风险。这些结果总体上与牧民和本土知识的预料一致, 但也更进一步揭示了土壤磷缺失以及高原鼠兔成灾的生态学机理。

关键词: 功能性状, 性状生态学, 群落生态学, 本土知识, 青藏高原

养分添加降低植物多样性的机制

姚奇, 王泽宇, 冯彦皓*

兰州大学草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室 兰州大学草地农业科技学院 兰州 730020

fengyh@lzu.edu.cn

大量研究表明, 养分添加显著降低草地植物多样性。迄今为止, 生态学家已提出三种假说 (生态位维度假说, 竞争非对称假说和土壤酸化假说) 试图去解释这一普遍现象。然而, 这些假说仍然存在很大争议且未得到严格定量验证, 导致我们对背后机制的认识仍然存在很多盲点。为厘清其中复杂机制, 我们在现代物种共存理论框架下分析了著名长期施肥实验 - Park Grass 实验 (1856-)、全球联网实验-营养网络 (NutNet) 和一个青藏高原高寒草甸养分添加竞争实验。具体而言, 本论文利用三个实验平台不同处理的时间序列或密度梯度实验数据分别拟合 Lotka-Volterra 竞争模型, 然后量化各物种内禀增长率和物种之间的生态位差异与竞争能力差异, 从而验证上述三种假说并揭示养分添加降低草地植物多样性的内在原因。

结果显示：(1) 养分添加与土壤酸化均导致各物种内禀增长率 (r) 下降和竞争能力差异 (或等级排序) 重新洗牌, 整体上对禾草有利而对豆科与杂类草不利。此外, 上述内禀增长率 (影响物种存在) 和竞争能力差异 (影响物种共存) 的变化有效解释了养分添加造成植物多样性的丧失及停止施氮后的恢复。这一结果支持竞争非对称假说与土壤酸化假说。(2) 养分添加显著降低了种内和种间竞争强度; 养分添加在 Park Grass 实验中未降低生态位差异, 但在 NutNet 和高寒草地实验中降低了生态位差异; 土壤酸化显著提高种内/种间竞争强度和生态位差异。因此, 我们的结果部分支持生态位维度假说。上述重要发现可以加深我们对自然界中草地植物群落对养分添加响应的认识, 并为全球养分沉降加剧背景下保护草地生态系统生物多样性、制定相关措施提供一定理论依据。

氮添加降低旱区草地生产力稳定性非多样性的机制

王俊锋¹ Johannes M. H. Knops²

¹ 东北师范大学 草地科学研究所 长春 130024;

² School of Biological Sciences, University of Nebraska-Lincoln 68588-0118
Wangjf150@nenu.edu.cn

生物多样性作为维持生态系统功能的重要基础, 长期以来被认为是决定生产力时间稳定性的关键。一般而言, 在天然草地生态系统中, 氮添加能降低植物群落的物种多样性, 进而降低物种间的异速性, 最终使生产力稳定性下降。然而, 以往的此类经典研究结论多来源于相对湿润的草地生态系统, 大尺度数据分析常掩盖了相对干旱区草地生态系统的特异性响应。本研究以全球营养网络实验中美国西部典型的干草原为例, 重新审视了多样性-稳定性之间的相互关系。结果发现: 1) 氮添加并未明显降低干草原的物种多样性, 反而轻微增加了物种的异速性; 2) 生产力稳定性降低与相对湿润年份总的群落生产力大幅增加有关, 其实质是一年生物种通过土壤种子库效应快速增加了湿润年份的生产力, 改变了群落关键性状, 尤其是叶绿素含量及群落高度与生产力的关系, 最终增加了种间异速性。本研究为校正全球联网实验的归一化结果差异, 提供了重要的支撑。

高寒草甸植物群落与病原真菌之间的关系

刘向

兰州大学 兰州 730000

lx@lzu.edu.cn

植物群落与病原菌之间有着千丝万缕的联系, 一方面, 植物多样性和植物群落结构可能会影响病原真菌的多度和丰富度; 另一方面, 病原菌也可能影响植物物种共存。报告人围绕“植物群落与叶片病原真菌”研究方向, 尤其是“稀释效应”这一疾病生态学核心问题, 以青藏高原东部高寒草甸为模式体系, 结合野外实验、整合分析和理论模型等多种途径, 较为系统地开展了一系列相关研究。报告的具体内容包括: 1. 植物群落中稀释效应的发生条件、纬度梯度格局和系统发育稀释效应; 2. 植物群落中稀释效应的时间和空间尺度依赖性; 3. 病原菌介导的同种负密度制约在维持高寒草甸植物物种共存中的作用。

植物群落生产力对气候变化的响应

刘慧颖

华东师范大学 上海 200241

hyliu@des.ecnu.edu.cn

植物群落生产力不仅决定了生态系统向人类提供经济价值产品的能力，还与调节气候、碳固持、涵养水源、生物多样性保育等多项重要的生态系统服务能力相关。草地植物群落生产力对气候变化极为敏感，气候变暖下植物生物多样性如何调控生产力响应气候变化是当今生态学领域的研究热点。本报告首先讲述了植物多样性在长期气候变化下高寒草地植物群落生产力维持过程中所起到的作用；然后探讨了气候变化下植物多样性对群落生产力稳定性影响的途径；最后以不同植物功能群角度，关注了地上、地下生产力季节动态对气候变暖响应的全球格局。这将加强人们对气候变化下生物多样性与生产力关系的理解，并为提高生态系统服务能力和草地的适应性管理提供科学支撑。

关键词：植物群落生产力；生物多样性；生态系统稳定性；气候变化

全球变化因子干扰下土壤微生物多样性的功能研究

杨高文

中国农业大学草业科学与技术学院 北京 100193

yanggw@cau.edu.cn

土壤微生物是生物多样性的重要组成部分，高水平的土壤微生物多样性对生态系统功能至关重要。随着人类活动影响的加剧，土壤受到越来越多的全球变化因子干扰，已有研究主要关注了全球变化因子对土壤微生物群落的影响，然而，土壤微生物多样性功能的响应还研究得较少。通过稀释排除法模拟干扰下土壤微生物多样性的损失过程，形成土壤微生物多样性的梯度，作为土壤微生物多样性处理；采用微宇宙模拟试验，探究单因子或多因子干扰下土壤微生物多样性对植物群落生产力、豆科植物维持和土壤功能的影响。研究发现，单因子干扰下，高水平的土壤微生物多样性有助于增加生产力稳定性和豆科植物维持；随着干扰因子数量的增加，土壤微生物多样性对土壤功能的积极作用被逐步削弱，当干扰因子数量大于 2-4 个时，土壤微生物多样性的积极效应消失。因此，在保护生物多样性的同时，应减少人为干扰因子的数量，才能发挥生物多样性的积极作用；在干扰因子较少时，维持高水平的土壤微生物多样性对生态系统稳定性和植物多样性维持有着重要作用。

关键词：土壤微生物多样性，生产力稳定性，抵抗力，恢复力，微生物组，豆科植物

生物多样性-生态系统多功能性量化方法的再认识

井新

兰州大学草地农业科技学院 兰州 730020

jingx@lzu.edu.cn

生物多样性-生态系统多功能性是近 10 年生态研究的热点。与此同时,研究者开发了多种量化方法,最常用的有平均值法、加和法和阈值法等。近年,研究者普遍认识到量化生态系统多功能性的方法不同,生物多样性对生态系统多功能性的影响也不同。如何量化和理解生物多样性-生态系统多功能性之间的关系是当前研究的瓶颈问题。本报告首先回顾了生物多样性-生态系统多功能性量化方法及其存在的问题,也就是,随着生态系统功能数目的增加,不同的量化方法得出不一致的结论。比如,平均值法认为生物多样性对生态系统多功能性的影响不变,而加和法和阈值法认为生物多样性的影响是增加的。进一步借助模型模拟和实测数据,重现了当前量化方法存在的问题,并解析了问题背后的数理统计原理。这将加强对生物多样性-生态系统多功能性的认识,并为生物多样性保护和生态系统多功能性管理提供理论支撑。

关键词: 生物多样性、生态系统功能、平均值法、加和法、阈值法

植物缓解气候变暖导致的微生物多样性丢失

郭雪^{1*} 周希舒² 石舟^{3,4} 宁大亮^{3,4} 吴力游^{3,4} 杨云锋¹ 贺志理⁵ 周集中^{1,3,4,6}

1 清华大学环境学院 北京 100084

2 中南大学资源加工与生物工程学院 长沙 410083

3 Department of Microbiology and Plant Biology, University of Oklahoma, Norman, Oklahoma 73019, USA

4 Institute for Environmental Genomics, University of Oklahoma, Norman, Oklahoma 73019, USA

5 中山大学环境科学与工程学院环境微生物学研究中心, 广州 510006

6 Earth and Environmental Sciences, Lawrence Berkeley National Laboratory, Berkeley, California 94720, USA
guoxue0601@tsinghua.edu.cn

气候暖化导致了微生物多样性和群落结构的变化,这一现象被广泛研究观测到。这些变化及其与之有关的土壤碳降解过程能够深刻地影响未来大气 CO₂ 的增加和全球气候暖化进程。然而,由于植物多样性越高,微生物可利用资源的数量和种类就越多,因而升温对土壤微生物的影响效应可能因植物多样性而异。本文利用综合的宏基因组分析手段,分析了不同植物物种丰度条件下升温对土壤微生物多样性、群落结构和功能基因组组成的影响。结果表明,更高的植物多样性可以显著($P < 0.050$)降低升温引起的土壤细菌和真菌多样性丢失。但同时我们也发现更高的植物多样性并不能完全抵消升温对微生物群落的不利影响。有趣的是,植物和土壤因子对土壤细菌和真菌群落的变异有着不同的贡献。升温 and 复杂的植物群落显著($P < 0.050$)降低了细菌群落构建中随机性生态学过程的相对重要性,却显著增加了真菌群落构建中随机性生态学过程的相对重要性。这些结果表明,土壤细菌和真菌在响应升温 and 植物多样性变化具有不同的生物多样性维持机制。同时,我们的分析也证明了细菌和真菌物种多样性的变化导致了微生物功能结构对升温 and 植物多样性变化的响应。与单一植物群落条件相比,升温在复杂植物群落条件下更为强烈地刺激了碳降解、氮循环和磷利用等微生物功能基因的丰度,这可能会导致更高的土壤微生物活性。阐明地上和地下群落之间的关联及其潜在机制对于理解未来气候暖化情景下系统功能的变化有着重要意义。

关键词: 气候变暖, 微生物, 植物, 多样性, 土壤

草原生产力对气候变化的长期响应

任海燕 韩国栋

内蒙古农业大学 呼和浩特 010011

renhy@imau.edu.cn

草原面积辽阔，具有重要的生产和生态功能，是我国生态安全屏障和生态文明建设的主战场，然而草原也是受气候变化影响最严重的生态系统之一。人类活动排放的 CO_2 等温室气体浓度大幅增加，导致温室效应加剧、全球气温升高，进而改变水文循环；氮沉降急剧增加，预计到 2050 年全球氮沉降将是 20 世纪 90 年代初的 2 倍；这些都将对草原生产力、稳定性和碳固存等多个方面产生影响，但是相关方面的长期研究欠缺。本研究以长期野外控制实验为基础，运用植物生理学方法和稳定同位素技术，通过研究植物功能性状、资源利用和群落稳定性，揭示降水、温度和氮沉降对草原生产力的长期影响及机制，进而影响草原固碳能力。

关键词：草原，生产力，气候变暖，降水变化，氮沉降

内蒙古温带草地群落稳定性维持机制

王永慧，马文红

内蒙古大学生态与环境学院，呼和浩特，010021

yhwang@imu.edu.cn, whma@imu.edu.cn

植物群落稳定提供生物量生产的能力不仅依赖于稳定的物种生产力（物种稳定性），还依赖于异步性种间动态（物种异步性）对群落生产力稳定的维持作用。基于物种多度均匀分布的假设，理论研究预期物种多样性高的群落因更可能含有对环境波动具有不同响应的物种而具有高的物种异步性和群落稳定性。但天然植物群落普遍具有不均匀的物种多度分布，导致多样性-异步性和多样性-稳定性关系频获否定。我们基于物种多度分布不均匀的内蒙古温带草地，通过拓展理论框架来量化不同物种的作用，并在局域和区域两个空间尺度上研究了其植物群落生产力（时间）稳定性的维持机制。我们发现，无论是在局域尺度上还是在区域尺度上，内蒙古温带草地植物群落生产力稳定性并非如理论预期般依赖于物种多样性，而是强烈依赖于优势物种的稳定性和优势物种间的补偿作用。此外，降水量的减少和其年际波动的增加可通过降低优势物种的稳定性和削弱物种间异步性补偿动态，从而在局域和区域这两个尺度上破坏群落生产力的稳定性。我们的研究结果意味着，优势物种驱动的生态系统稳定性可能广泛存在于具有不均匀多度分布特点的生态系统，并提供了检验工具。此外，我们的研究结果还意味着，内蒙古温带草地过去几十年间经历的以降水量减少和降水年际波动增加为特点的气候变化严重削弱其生态系统稳定性和区域可持续发展。

氮添加对草地生物多样性-生态系统功能关系的影响

王超

北京市农林科学院 北京 100097

wangchao@grass-env.com

生物多样性-生态系统功能关系一直以来是研究者们关注的重点，同时氮沉降现象仍然是全球面临的重要全球变化问题。然而，目前鲜有研究报道生物多样性-生态系统功能关系在氮沉降增加后的变化规律及潜在的机制。本研究利用同质园实验，设置氮添加和植物多样性交互实验平台，尝试回答氮添加对生物多样性-土壤多功能性关系和生物多样性-群落稳定性关系的影响。研究结果表明氮添加对土壤多功能性和微生物多样性的影响不显著，但削弱了植物多样性-多功能性关系；植物多样性对表层土壤多功能性的促进作用显著强于深层土壤；氮添加通过降低植物生物量和土壤微生物与多功能性之间的联系来削弱植物多样性-多功能性关系。氮添加不改变群落稳定性和‘快-慢’功能性状多样性，但显著增强了多样性-稳定性关系；植物多样性主要通过增加群落生产力而非降低其年际波动来增强群落稳定性；氮添加通过提高混合群落中‘快-慢’功能性多样性来增强物种异步性，进而导致更强的多样性-稳定性关系。这将加强对全球变化背景下生物多样性-生态系统功能关系变化规律的理解，并为预测未来生物多样性-生态系统功能关系的变化提供理论依据。

关键词：氮沉降，生物多样性-生态系统功能关系，土壤多功能性，生产力，群落稳定性

三维土壤异质性对植物种群和群落结构和功能的影响

刘永杰，李国娥，王明霞，马春燕，刘世婷，刘明蕊

兰州大学草地农业科技学院草种创新与草地农业生态系统全国重点实验室 兰州 730000

yjl@lzu.edu.cn

土壤异质性显著影响植物群落的结构和功能。然而，自然条件下研究土壤异质性较为困难，因为有很多因素和土壤异质性协同变化，很难将土壤异质性的作用从中分离。为此，很多研究通过控制实验进行。但是，这些控制实验只关注二维土壤异质性，即水平土壤异质性或垂直土壤异质性。而自然条件下土壤异质性同时发生在水平方向和垂直方向，即呈现出三维土壤异质性的特性。为此，我们需要在控制实验中，构建新的方法来模拟三维土壤异质性。我们构建了该方法，并在此方法的基础上，通过一系列控制实验，研究了三维土壤异质性对植物种子萌发，个体差异，植物种群生物量分配和植物群落结构和功能的影响。结果显示土壤异质性显著影响植物种子萌发、个体差异、种群生物量分配和植物群落植物多样性。未来仍需对上述影响的作用机制进行研究。

关键词：土壤异质性，植物多样性，生物量，个体差异

专题 6. 湿地生物多样性（召集人：宋长春、祝惠）

人工湿地对水鸟保护的作用

马志军

复旦大学生命科学学院生物多样性与生态工程教育部重点实验室 上海 200438

zhijunm@fudan.edu.cn

人类活动造成的栖息地丧失是全球生物多样性主要的受胁因素。人类活动在减少野生动物的自然栖息地的面积的同时，增加了野生动物人工栖息地的面积。水鸟是一类依赖湿地生存的鸟类，全球自然湿地的减少导致许多水鸟种群数量下降。大量研究表明，许多水鸟将人工湿地作为主要的栖息地类型，一些水鸟甚至对人工湿地产生了一定程度的依赖性。但人工湿地是否可以发挥与自然湿地类似的支持水鸟的作用仍缺乏深入的了解。本报告基于全球和我国水鸟种群数量变化趋势的数据，分析了利用人工湿地对水鸟种群维持的影响。结果表明，尽管人工湿地可以吸引大量水鸟觅食、休息甚至营巢繁殖，但在减缓种群数量下降方面存在一定的局限性。因此，全球水鸟种群的维持依赖于保护当前的自然湿地和提高人工湿地的质量。

全球变化背景下北方草本湿地灌木扩张机制

单利平，刘艳杰*

中国科学院东北地理与农业生态研究所，长春市 130102

shanlipingcas@163.com

全球变化背景下，北方草本湿地生态系统中的灌木扩张日益加剧，显著影响了湿地生态系统的结构和服务功能。养分富集和干旱化是灌木扩张的重要驱动力，但其驱动机制尚不清楚。通过野外原位控制实验，对未被灌木入侵的典型草本植物群落进行灌木播种，并同时进行了干旱化、养分添加及其交互作用处理。连续观测灌木幼苗的年际动态变化，同时测定植物群落的光合有效辐射，调查草本植物群落的结构组成。结果表明干旱化是影响灌木幼苗存活，而养分是促进灌木幼苗生长的重要驱动因素。此外，养分富集可以通过增强植物对地上光资源的不对称性竞争，改变灌木与草本植物间的互作，进而影响灌木幼苗的存活和生长。研究结果有助于揭示北方草本湿地中的灌木扩张机制，为评估和预测北方湿地植被对全球变化的响应提供理论依据。

关键词：干旱化，北方湿地，氮可利用性，灌木扩张，光不对称性

红树林生境在海平面上升和土地利用动态影响下的空间分布潜力预测：以广西茅尾海为例

梁姗姗^{1,2,3}, 陈彬^{1,3,5}, 吴培强⁴, 王建步⁴, 苏尚柯^{1,3}, 陈光程^{1,3,5}, 杜建国^{1,3,5}, 刘文华², 胡文佳^{1,3*}

1. 自然资源部第三海洋研究所 福建 361005;

2. 汕头大学海洋生物研究所 广东 515063;

3. 自然资源部海洋生态保护与修复重点实验室 福建 361005;

4. 自然资源部第一海洋研究所 山东 266061;

5. 自然资源部北部湾滨海湿地生态系统野外科学观测研究站 广西 536015

liangss633@163.com

全球变化背景下,海平面上升(SLR)和海岸带密集的开发利用活动会显著影响红树林典型生境的分布。不同的红树林群落在潮间带呈带状分布,其受SLR和土地利用变化的影响程度亦不相同。已有的研究多仅考虑SLR和现状土地利用对红树林生境的整体影响,较少考虑社会经济发展的背景,且未能区分高低潮滩不同红树林群落受到的差异化影响。本研究综合考虑地貌、水文和社会经济(以土地利用格局改变为表征)等因素,以广西茅尾海为研究区,预测2070年不同红树林群落在SLR和土地利用动态影响下的空间分布潜力。分别从生境面积和生境斑块陆向扩张潜力两方面对空间分布潜力进行评估和预测,生境面积采用SLAMM生态水文模型和CLUE-S土地利用模型进行模拟,生境斑块陆向扩张潜力则通过估算可用生境斑块与自然地类接壤的边界长度来衡量。研究结果表明,(1)现状情景下茅尾海红树林生境面积为1826ha,在单一LSR因素影响下预测得到的红树林潜在生境总面积将增加1,333-2,296ha,其中90%为高潮滩红树林;(2)当考虑LSR和土地利用双重因素叠加影响时,从潜在生境中扣除已开发利用土地得到实际可用生境,发现高潮滩红树林的潜在生境将损失11%-80.5%,低潮滩红树林的潜在生境将损失11.9%-19.7%,实际可用生境将比现状减少96-331ha;(3)低潮滩红树林比高潮滩红树林具备更高的生境斑块扩张潜力,低潮滩红树林生境斑块与陆域自然地类和高潮滩红树林接壤的边界长度达到99.2-111.2km,而高潮滩红树林生境斑块与陆域自然地类接壤的边界长度仅为1.4-1.8km,对两种红树林群落陆向迁移限制最大的开发用地类型为耕地和养殖塘。综上所述,尽管高潮滩红树林在仅应对海平面上升时比低潮滩红树林更具备生境扩张的潜力,但当考虑土地利用动态变化时,由于陆向迁移屏障的存在,高潮滩红树林将面临低潮滩红树林扩张和陆侧土地开发利用的双重挤压,在局部区域其可用生境空间甚至可能因受挤压而消失,从而使得区域红树林群落多样性面临下降的风险。本研究可以为土地利用政策的动态调整和红树林适应性管理提供科学信息,选择性清理红树林迁移屏障,开展退耕还林、退塘还湿等修复行动,预留充足的红树林尤其是高潮滩红树林生境的陆向扩展空间,对维持红树林群落物种多样性、增强红树林典型生境应对海平面上升的韧性具有重要意义。

红树林生物多样性

王文卿, 谷宣, 张雅棉, 王瑁

厦门大学环境与生态学院, 福建台湾海峡海洋生态系统国家野外科学观测研究站 厦门 361102

wqwq1971@163.com

红树林是生物多样性最丰富的四大海洋生态系统之一，具有极高的生态、经济和社会价值。2020 年 8 月，自然资源部、国家林业和草原局联合发布《红树林保护修复专项行动计划（2020-2025）》提出了红树林保护修复的目标：扩大红树林面积，提高生物多样性，改善红树林生态系统质量，增强生态产品供给能力。生物多样性保护修复将成为未来我国红树林保护修复的重要内容。基于我们对中国红树林湿地多年的调查，总结了我国红树林生物多样性的特点：①极低的植物多样性支撑极高的动物多样性。全球 75% 的海岸被红树林占据，但红树植物种类不超过 80 种。群体内遗传多样性低和种类匮乏是红树林的特点。②中国虽然地处全球红树林分布北缘，红树林面积仅占全球 2%，但拥有全球 32%（26 种）的红树植物种类，中国是红树植物种类特别丰富的国家；但中国 50% 的红树植物处于珍稀濒危状态，远远高于全球平均水平。③海平面上升、大规模海堤建设、乡土植物鱼藤和外来植物互花米草的 4 重挤压下，中国红树林对环境变化特别敏感，局部退化问题突出，生物多样性下降明显；大规模引种造林导致红树植物同质化明显，也降低了红树植物的生物地理网络复杂性和稳定性。④红树林湿地的基本地貌单元包括：红树林、光滩、潮沟和浅水水域，后三者

在维持生物多样性方面具有不可替代的作用，光滩对水鸟的栖息觅食至关重要。

关键词：红树林，生物多样性，维持，机制，全球变化

重构生境多样性为湿地生态系统功能恢复提供基石

陈雪初

华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241

xcchen@des.ecnu.edu.cn

湿地生态系统结构的时空异质性是其功能多样性得以维持的基础。湿地恢复初期常常采取人工干预措施，以修复或重塑水文与基底等生境条件，从而为植被群落构建提供基础。值得注意的是，湿地植被建群仅仅是生态修复的前期阶段，继后将进入生态系统功能恢复期。然而，初期生境干预对于湿地生态系统多功能发育的影响尚无定论。本报告基于迄今已恢复 5 年的鸚鵡洲湿地的长期监测成果，分析生境多样性对于湿地生态系统鸟类停歇觅食地提供、降氮固碳等功能的影响，探讨其在生态系统服务转化利用中的作用，为推进开展基于自然的湿地恢复与适应性管理提供基础参考。

湿地生物多样性综合评估指数构建与景观因子相关性研究

徐曦¹ 金敏丽¹ 钟伟良² 陈楚文¹

¹ 浙江农林大学风景园林与建筑学院，杭州 311300；

² 余杭区林业水利局，杭州 311199

urban_ee@foxmail.com

江南地区湿地与农村相互融合，不仅自身具有丰富的生物多样性，同时提供着农渔业生产功能、环境生态调节功能、休闲文化景观功能，人与水密不可分。如何对湿地管理中的生态整体状态进行评价（包括水系水质、生态系统功能与生物多样性、农业农村农民文化等），如何根据实际情况和立地条件，选择恰当切实的目标进行生态系统管理，如何建立从“日常

观察-科学数据-生态评估-风险分析-管理决策”一气贯通的生态管理模式，更好的避免行政管理中的脱离实际、难以落实和收效甚微等决策失误，一直是切实推进湿地保护建设的重要课题。本研究以江浙地区的三个案例为研究对象，包括常熟沉海圩乡村湿地、余杭三白潭湿地、长安沙生态体验岛、北湖草荡；它们分别代表着清淤重建+人不离村、生态种养+少量撤离、生态重建+部分撤离、放任水淹+完全撤离四种不同的模式。基于湿地社会-经济-生态之间的复杂关系，建立了湿地生物多样性综合评估模型（Wetland Biodiversity Index, WBI），反映湿地生物多样性和生态功能状态的同时，兼具湿地景观因子（包括自然与人文），找出景观因子与生物多样性之间的相关性，为湿地生态管理和规划设计提供数据支撑和科学依据，通过对景观因子的动态监管，达到改善和提升湿地生物多样性及其生态功能的目的。

关键词：生物多样性；生态功能；景观因子；综合评估模型；景观动态管理

气候变暖和植物多样性变化对北方泥炭地温室气体排放的影响

张逸飞

中国科学院东北地理与农业生态研究所农业技术中心
zhangyifei0304@126.com

了解同步的植被变化对于评估北方气候变暖对泥炭地碳循环过程的影响至关重要。为此，我们建立了一个中观宇宙系统，来监测 2020 年至 2021 生长季包括变暖和物种多样性调控在内不同情景下生态系统呼吸（Re）和甲烷（CH₄）通量。总的来说，平均 Re 和 CH₄ 通量的变化范围分别为 1.38 ± 0.18 至 46.25 ± 6.62 mg CO₂-C m⁻² h⁻¹ 和 2.72 ± 2.36 至 319.55 ± 96.22 μg CH₄-C m⁻² h⁻¹，其最高值均出现在生长季中期。混合物种系统，如三物种和四物种混合栽种的植物群落，往往比单作群落具有更高的 Re 和 CH₄ 通量，植物生物量和溶解有机碳和酚类物质的浓度是主要控制因素。在研究期间，变暖显著增加了约 40% 的 CO₂ 排放量，但在 2021 却减少了 CH₄ 的排放量。在变暖水平下，土壤水分随时间逐渐减少，为 CH₄ 通量的降低提供了解释。有趣的是，三物种和四物种的混合，似乎缓冲了由变暖引起的 CH₄ 通量的减少，这进一步证明了物种多样性的积极贡献。因此，我们的结果表明，在预测泥炭地生态系统变暖的未来碳强度和方向时，应考虑物种多样性的变化。

鄱阳湖沉水植被退化对小天鹅食性和种间竞争的影响

丁慧芳¹，王文娟^{1,2,3*}

1.江西省流域生态演变与生物多样性重点实验室，南昌大学生命科学研究院流域生态研究所
南昌 330031；

2.江西鄱阳湖湿地保护与恢复国家长期科研基地和江西鄱阳湖湿地生态系统国家定位观测研究站
南昌 330031；

3.北京林业大学生态与自然保护学院 北京 100083
ding0722123@163.com

鄱阳湖是小天鹅 (*Cygnus columbianus*) 极为重要的越冬地。近年来, 随着鄱阳湖湿地环境不断恶化, 小天鹅传统食物苦草冬芽 (*Vallisneria* spp.) 锐减, 大量小天鹅由水域转移至草洲、稻田等生境觅食。草洲是白额雁 (*Anser albifrons*)、豆雁 (*A. fabalis*) 的传统觅食地, 大量的小天鹅转移至草洲觅食, 可能会加剧小天鹅与雁类之间的种间竞争, 从而对物种生存产生一系列负面影响。

本研究利用宏条形码方法对小天鹅的食性进行分析, 采用瞬时扫描法和焦点动物法调查了不同越冬期草洲小天鹅不混群及与雁类混群时的日间行为、啄食率和腹部轮廓指数。结果表明小天鹅的食物组成已发生变化, 苔草、水稻、莲藕、芡实、蓼子草成为小天鹅的主要食物。小天鹅主要以觅食 (51%)、行走 (26.90%) 等行为为主, 其他行为所占比例较低 (<10%), 表明在越冬期小天鹅主要任务是能量的积累。混群时小天鹅的觅食时间或啄食率显著高于不混群时, 这表明小天鹅主要采取提高觅食时间或啄食率的方法来应对种间竞争的负面影响。随着越冬期的推进, 小天鹅的腹部轮廓指数不断增加, 表明在草洲取食的小天鹅能够维持自身能量平衡, 顺利积累脂肪。

本研究有助于评估沉水植被退化对小天鹅等珍稀濒危鸟类的潜在影响, 阐明鸟类在食物短缺情况下的应对策略, 为鸟类保护政策的制定提供科学依据。

关键词: 人工生境; 宏条形码; 豆雁; 白额雁; 脂肪积累

盐胁迫下陕西黄河湿地芦苇愈伤组织及其再生植株的生理生化响应

袁云香^{1,2}

1. 西北工业大学生命学院 西安 710072;

2. 渭南师范学院环境与生命科学学院 渭南 714099
527123419@qq.com

陕西黄河湿地是国家能源基地重点开发区的“黄河南三角”的重要组成部分, 也是陕西渭南经济开发区和山西风陵渡经济发展区的所在。湿地物种资源丰富, 在维护生态平衡、改善环境、洪水治理等方面具有极其重要的作用, 素有“地球之肾”和“生物基因库”之称。土壤盐碱化是中国北方普遍存在的问题, 盐碱化严重制约着湿地的草地生产力, 使部分原来较为优质高产的草地逐渐沦为生产力非常低的盐碱裸地, 不仅影响着湿地植被生产的可持续发展, 而且严重破坏了生态环境。目前利用植物来改良盐渍土壤是常用的方法, 在生态环境的改善等方面具有重要的现实意义。植被恢复是退化盐碱湿地恢复的最主要内容之一, 是当前湿地生态恢复工作的基础和关键, 而典型具有抗逆机理的植物试验材料的筛选研究是植被恢复的核心内容。针对退化盐碱湿地, 开展典型具有抗逆机理植物的筛选影响因子研究, 能够为湿地植被恢复提供科学的技术支持, 对未来盐碱湿地恢复具有重要意义。

本文以芦苇愈伤组织及其再生植株为实验材料, 在附加不同浓度 NaCl 的 MS 培养基中进行培养, 研究盐胁迫对芦苇愈伤组织及其再生植株的生长、渗透调节物质及抗氧化酶活性 (SOD、POD、CAT) 的影响, 对比分析盐胁迫下脱分化 (愈伤组织) 及分化 (再生植株) 两个发育阶段中芦苇愈伤组织及再生植株的生长发育及生理适应特点, 阐明芦苇不同分化阶段中耐盐生理响应的变化。结果表明: 盐胁迫下芦苇愈伤组织及再生植株的相对生长量呈现

先增加后减少的变化趋势；可溶性蛋白、可溶性糖和脯氨酸含量升高；MDA 含量、SOD 活性、CAT 活性和 POD 活性显著增高，表明芦苇愈伤组织及其再生植株是通过增加渗透调节物质和保护酶活性，来缓解氧化损伤以适应 NaCl 的胁迫。可溶性糖含量、可溶性蛋白及抗氧化酶活性在分化阶段高于脱分化阶段，脯氨酸含量脱分化阶段高于分化阶段。盐胁迫下，相对于分化阶段，处于脱分化阶段的芦苇耐盐适应性较弱，对盐胁迫更敏感，再生植株是评价植物耐盐适应性的理想材料。

关键词：芦苇；盐胁迫；愈伤组织；再生植株；耐盐机制

合肥市十八联圩湿地夏季水体浮游动物群落特征及其与环境因子的关系

孙尚省^{1,2} 杜彩丽^{1,2} 卢迪^{1,2} 李家政³ 谢三桃⁴ 张玮^{1,2*} 王丽卿^{1,2*}

1 上海海洋大学农业部鱼类营养与环境生态研究中心 上海 201306；

2 上海海洋大学水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室 上海 201306；

3 合肥十八联圩生态建设管理有限公司 合肥 230000；

4 安徽省水利水电勘测设计院 合肥 230088

zzxcsss@163.com

十八联圩是南淝河在巢湖入湖口区“退耕还湿”形成的一处超大型人工湿地。为了解其浮游动物群落特征及其与水环境因子之间的关系，于 2018 年 6—7 月对十八联圩内部和外围水体 72 个采样点进行采样调查。本调查共鉴定出浮游动物 4 类 114 种，其中原生动物 36 种占 32%，轮虫 46 种占 40%，枝角类 19 种占 17%，桡足类 13 种占 11%。十八联圩湿地浮游动物密度主要取决于原生动物和轮虫两类小型动物，并以原生动物最高。Shannon 多样性指数表明，十八联圩整体呈现 α -中污型，少数河段为 β -中污型。典范对应分析（CCA）表明，TN、DO、SRP 等是影响十八联圩湿地水体浮游动物群落结构的主要环境因子。本研究可为十八联圩湿地建设和生态保护提供参考，同时也为其发挥削减巢湖污染负荷等功能提供了基础资料。

关键词：十八联圩；人工湿地；浮游动物；水质评价；巢湖

专题 7. 生物多样性大尺度格局（召集人：沈泽昊、张健）

东亚植物区植物物种形成过程的空间分异-以当归属为例

杨庚宸, 沈泽昊*

北京大学城市与环境学院 北京 100871

shzh@urban.pku.edu.cn

Speciation is an essential process underlying extant biodiversity patterns. Mutation-order speciation and ecological speciation are recognized as two basic speciation processes. The East Asian floristic kingdom and its two subkingdoms, The Sino-Himalayan and the Sino-Japanese subkingdoms of the East Asian floristic kingdom are hotspots of biodiversity and biogeographical studies. However, the contributions of the two speciation processes to the floral diversification of the subkingdoms remain unclear. Consequently, this study investigated the difference in speciation processes between the two subkingdoms, using the genera *Angelica* L. as a suitable indicator. *Angelica* (Apiaceae), a pan-arctic genus with two monophyletic clades distributed mainly in the Sino-Himalayan (western clade) and the Sino-Japanese (eastern clade) floristic subkingdoms. We explored interspecific niche differentiation within the two clades of *Angelica* based on species distribution modelling and phylogenetic reconstruction, then we estimated niche overlap, tested niche-phylogeny relationship, reconstructed ancestral niches and estimated the niche evolutionary rates for both clades. Within the western clade, larger niche overlaps, lower niche evolutionary rates and a significant signal of niche conservatism revealed mutation-order speciation as the primary speciation process. In contrast, ecological speciation played a dominant role within the eastern clade, which could be inferred from smaller niche overlaps, higher niche evolutionary rates and a significant interspecific niche divergence. Although the overall niche evolutionary rate was higher in the eastern clade, the western clade showed higher niche evolutionary rates on environmental axes related to the summer climate, which may result from a weaker interspecific competition for summer resources than for winter resources in the eastern clade, and a weaker environmental filtering effect of the summer climate than the winter climate in the western clade. This study provided evidence within a genus for the divergence of speciation processes between the two subkingdoms of the East Asian floristic kingdom, and indicated that winter climatic factors might play a more essential role in the speciation process in this kingdom.

Key words: *Angelica* L.; niche evolutionary rate, niche overlap; niche differentiation; East Asian Flora; speciation process

北温带木本植物多样性的演化历史—来自化石与分子的共同证据

张秋月¹, Daniele Silvestro², 星耀武^{1,*}

¹中国科学院西双版纳热带植物园热带森林生态学重点实验室, 666303, 勐腊

² Department of Biology, University of Fribourg, 1700, Fribourg
ywxing@xtbg.org.cn

北半球温带植物区系被称为泛北极植物区, 占据了整个陆地面积的一半以上, 是所有植物区中面积最大的植物区, 理清其多样性演化历史对生物多样性保护具有重要的意义。由于北温带地史环境变化和生物演化过程的复杂性, 要准确重建北温带类群的多样化历史, 需要多学科交叉和多种证据的综合分析, 尤其需要结合化石和现代分子资料进行生物地理分析才能更加准确追溯北温带植物多样性的演化过程。我们综合分子、形态、化石和(古)环境等方面的证据, 量化了扩散、灭绝、多样化、生态位进化、以及系统发育群落结构在塑造北温带多样性格局中的作用。我们的结果表明北半球被子植物的多样性在较温暖的古新世和始新世时期的格局与渐新世全球变冷之后截然不同, 新生代深时剧烈的气候变化, 以及演化过程中的分化和灭绝速率驱动多样性格局的演变; 气候驱动东亚类群在新近纪快速分化, 欧洲的大量灭绝, 从而形成洲际多样性分布不均; 此外, 渐新世之后气候和演化内在驱动的物种组成的转变, 导致北温带多样性纬度梯度的形成。研究结果对进一步认识多样性演变和环境变化间的相互关系提供了良好的借鉴。

关键词: 化石, 古气候, 间断分布, 生物地理, 生态位演化, 系统发育群落结构, 纬度梯度

植物性状的地理格局及其与环境的关系

王志恒

北京大学城市与环境学院生态研究中心 北京 100871

zhiheng.wang@pku.edu.cn

植物功能性状反映了植物的生存策略, 是认识生态系统功能的关键。功能生物地理学通过研究物种功能性状的空间分布, 探索生物多样性维持机制、预测生态系统功能以及促进区域或全球生物多样性保护, 是生物地理学研究的新方向。该研究利用高分辨率的物种分布数据和叶片与繁殖器官的功能性状数据, 系统研究了中国木本植物功能性状的地理格局及其成因。结果发现, 发现群落平均叶大小与初级生产力显著相关, 提出叶大小可以作为估算陆地生态系统初级生产力的重要指标, 适用于不同的生物地理区。提出了基于叶缘分析进行古气候重建的条件及其局限性, 发现该方法能较好地适用于湿润地区。发现群落平均树高与生态系统初级生产力的关系强于最大冠层高度, 而气候主要通过影响性状影响生产力。生物和环境因素以及植物区系的进化年龄共同决定了植物果实类型和性系统类型组成的空间变化。这些研究为认识植物功能性状的地理格局及其成因提供了新思路, 也为研究植物性状如何调控植物对未来气候变化的相应提供了新证据。

全球花寿命的地理格局及其影响机制研究

宋波¹, 孙露¹, Spencer C. H. Barrett², Angela T. Moles³, 罗亚皇¹, W. Scott Armbruster⁴,

高永茜⁵, 张霜⁶, 张志强⁷, 孙航¹

¹ 中国科学院昆明植物研究所, 昆明 650201;

² 多伦多大学, 多伦多 M5S 3B2;

³ 新南威尔士大学, 悉尼 2052;

⁴ 阿拉斯加大学, 费尔班克斯 99775;

⁵ 云南林业职业技术学院, 昆明 650224;

⁶ 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085;

⁷ 云南大学, 昆明 650500

songbo@mail.kib.ac.cn

花寿命 (floral longevity) 是指一朵花从开放到调谢的持续时间, 是被子植物重要的繁殖性状。植物的花寿命表现出巨大的差异, 即便是同一科、同一属或同一物种的不同居群间, 花寿命也具有很大的差异。自 Kerner von Marilaun 在 1895 年首次关注到植物花寿命的巨大差异以来, 花寿命的生态和进化适应机制一直是植物进化生物学家关注的焦点。在搜集全球 818 种被子植物的花寿命与相关性状数据的基础上, 利用贝叶斯系统发育混合模型探讨了以下科学问题: 1) 花寿命的全球地理格局是怎样的? 2) 花寿命受哪些因素的影响? 结果显示: 在所有调查的被子植物中, 平均花寿命为 4.5 天, 其中最短的仅 2 小时, 最长达 33 天, 相差 400 倍; 花寿命具有较强的系统发育信号, 表明亲缘关系越近的植物, 花寿命越相似; 随着纬度和海拔的增加, 花寿命明显延长, 赤道附近的平均花寿命为 2 天, 而北纬 50 度和南纬 50 度的平均花寿命分别达到 4.9 天和 3.9 天; 与传统观点不同, 自交不亲和植物、草本植物、昆虫传粉植物和大花植物的花寿命并不比自交亲和植物、木本植物、脊椎动物传粉植物和小花植物的花寿命长; 每朵花产生的花粉数量越多或传粉成功指数越低, 花寿命越长; 在高温、干旱以及强太阳辐射地区, 植物倾向于短的花寿命。同时考虑所有的生物和非生物因素时, 只有开花季的温度 (负相关) 和花粉数量 (正相关) 对花寿命具有显著的影响, 分别解释了 26% 和 10% 的变异, 说明植物花寿命主要受所在环境的温度的影响。由于与温度相关的生理成本 (如呼吸和蒸腾) 是影响花寿命的主要决定因素, 在全球气候持续变暖以及极端高温事件频繁发生的背景下, 植物的花寿命可能呈现出缩短的趋势, 进而加剧植物传粉不足, 引起植物种群或地理分布的变化。研究结果为全球气候变化背景下植物多样性的保护提供了参考。

横断山区种子植物区系的空间格局及环境相关性

李勤^{1*}, 孙航², David E. Boufford³, Bruce Bartholomew⁴, Peter W. Fritsch⁵, 陈家辉², 邓涛², Richard H. Ree¹

¹ Field Museum of Natural History, Chicago, USA

² 中国科学院昆明植物所 昆明 650201

³ Harvard University Herbaria, Cambridge, USA

⁴ California Academy of Sciences, San Francisco, USA;

⁵ Botanical Research Institute of Texas, Fort Worth, USA

* 华东师范大学 上海 200241

qli@des.ecnu.edu.cn

研究区系组成和周转格局是生物地理学的研究重点之一，也是生物多样性保护的基础。横断山区是世界生物多样性热点地区之一，地貌复杂并拥有丰富的种子植物，但针对其内部植物区系结构以及与周边青藏高原和喜马拉雅地区的周转格局的量化研究还比较缺乏，尤其忽视了在渐变环境梯度下的物种周转格局。本研究通过收集整合县级水平的 15042 种种子植物物种分布信息及其海拔分布范围（222 科、2020 属），采用全新的基于概率的聚类模型（Grade of Membership Models），识别了不同物种组成的植物群（motifs），并量化了地理、海拔、气候等不同因子对植物群周转格局的不同贡献。研究结果表明，纬度和海拔梯度及相关的环境因子是整个研究区域内植物群周转的主要驱动因子；其次，经度梯度和地形特征是驱动横断山区内部周转的主要驱动因子。此外，不同植物群的物种组成具不同程度的相似性和特有性。总的来说，横断山区是多个植物群的嵌合体，表现出明显的温带属性。

Geographic patterns and environmental correlates of taxonomic and phylogenetic diversity of aquatic plants in China

Ya-Dong Zhou¹, Hong Qian², Ke-Yan Xiao³, Qing-Feng Wang^{3,4,*}, Xue Yan^{3,4,*}

¹ School of Life Sciences, Nanchang University, Nanchang 330031, Jiangxi

² Research and Collections Center, Illinois State Museum, Springfield, Illinois, USA

³ Wuhan Botanical Garden/Core Botanical Gardens, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074

⁴ Sino-Africa Joint Research Center (SAJOREC), Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074

qfwang@wbgcas.cn; yanx@wbgcas.cn

Studies on large-scale geographic patterns of aquatic plant diversity can promote the research on generality of macroecological patterns in different ecosystems. Here, we compiled a checklist of 889 aquatic angiosperms in China, including 738 helophytes (emergent and marshy plants) and 151 hydrophytes (submerged, free-floating and floating-leaved plants). We explore the geographic patterns and environmental correlates of aquatic plant diversity, based on six metrics including species richness (SR), weighted endemism (WE), phylogenetic diversity (PD), phylogenetic endemism (PE), the standardized effect size of phylogenetic diversity (PDses), and the standardized effect size of mean phylogenetic distance (MPDses). Our results show that the diversity of aquatic plants in China is extremely uneven, with high diversity in southeastern China and low diversity in northwestern China, and the geographic patterns of taxonomic and phylogenetic diversity are generally consistent. The pattern of helophytes differs from that of hydrophytes. Notably, the wavy-shaped pattern of aquatic plant diversity (especially SR and PD for hydrophytes) across latitude observed in this study is not consistent with those previously observed for aquatic plants in other continents. Climatic variables and water environmental variables are the main drivers of the aquatic plant diversity in China; however, the effects of individual variables differ between helophytes and hydrophytes. Water environmental variables have greater impact on PDses and MPDses of hydrophytes than those of helophytes. Overall, our work provides insight into understanding the large-scale patterns of aquatic plant diversity, and is a critical addition to previous studies on the macroecological pattern of terrestrial organisms.

Key words: species richness, endemism, phylogenetic diversity, aquatic plant, helophyte, hydrophyte

生物遗传数据的地理格局

彭欣, 李强, 程振韬, 黄晓磊*

福建农林大学植物保护学院闽台作物有害生物生态防控国家重点实验室 福州 350002

huangxlidae@hotmail.com

生物地理学领域越来越受益于核苷酸序列和全基因组等遗传数据的增长和应用。从个人经验出发, 科学家们认为遗传数据在不同生物类群和地理区域可能存在不平衡, 但实证研究的缺乏阻碍了对于当前遗传数据体量和分布的理解。我们基于主要的公共数据库收集了 3.65 亿条动植物和真菌序列数据、600 万条昆虫和 7.7 万条哺乳动物 COI 序列数据、22 万条双子叶植物 rbcL 序列数据、4.4 万条座囊菌纲 ITS 序列数据, 相关分析证实了遗传数据在生物类群和地理分布上具有明显的不平衡, 并揭示了遗传数据在生产、应用和共享等方面的主要差距和不当做法。我们进而对如何填补遗传数据空缺及提高数据的数量和质量提出了展望。

关键词: 生物多样性; 生物地理学; 种群遗传学; DNA 条形码; 基因组

全球鸟类羽毛颜色多样性地理格局及功能适应研究

刘阳^{1,2}

1. 中山大学生态学院 深圳 518107;

2. 中山大学有害生物控制与资源利用国家重点实验室 广州 510275

liuy353@mail.sysu.edu.cn

鸟类羽毛具有丰富多样的色彩和图案, 在觅食、反捕食、物理防护和社会交流等方面发挥重要功能。经典的关于动物体色的环境适应性的假说为理解动物体色的进化和功能等方面提供了充分的概念框架。例如, 格洛格法则 (Gloger's rule) 认为, 在潮湿和温暖的环境中体色比在寒冷和干燥的环境中更深。但, 博格特法则 (Bogert's rule) 提出了相反的观点, 即在寒冷干旱的环境中动物的体色更深, 这有利于动物吸收热量。另外, 栖息地可能与鸟类的图案密切相关。本研究从《世界鸟类手册》中收集了 10290 个鸟类物种的手绘插图, 分别量化颜色和图案来统计全球鸟类羽毛颜色的比例、探究鸟类羽毛颜色和图案全球尺度的分布模式、确定羽毛颜色和图案的主要驱动因素。我们发现, 鸟类羽毛颜色以环境色为主, 受到更强的自然选择; 而鲜艳的颜色 (例如, 蓝色) 占比较少, 会受到性选择的影响。通常在热带温暖潮湿地区的鸟类颜色更深, 高纬度地区的鸟类颜色更浅, 支持格洛格法则。但, 在一些极端环境中并不符合这样的纬度梯度, 例如, 格陵兰岛、南极地区的鸟类颜色也更深, 支持博格特法则。食性和体型对鸟类羽毛的斑纹具有直接的影响, 这表明, 由于不同食性的鸟类觅食策略不同, 食种子、体型更小的鸟类可能会受到更大的捕食压力, 更多的斑纹有助于隐蔽; 而在大尺度的全球鸟类的分析中, 栖息地类型与鸟类的图案并不相关, 这说明栖息地类型并不能预测所有鸟类的图案。最后, 鸟类羽毛颜色和图案都会受到气候的影响, 这表明鸟类的羽毛在进化过程中会受到环境条件的限制。此外, 使用系统发育比较分析研究探讨了鸟类羽毛颜色在鸟类飞行和社会行为中的新功能, 提出了鸟类羽色适应性演化机制研究的新框架。

关键词: 鸟类羽毛; 比较分析; 羽毛颜色; 羽毛图案; 环境适应性; 社会行为

1880 到 2020 年间北美鸟兽的种内性状变异变化研究

刘佳佳

复旦大学 上海 200433

liujiajia@zju.edu.cn

由于人类过度捕捞和气候变化等因素影响，许多动物的体型大小呈现快速下降的趋势，这一现象成为当前生态学研究的热点问题。然而，大多数研究只关注物种平均体型大小的下降规律，忽略了种内性状变异（ITV）的变化趋势。ITV 的大小可以解释物种对环境的适应能力及生态系统在面对环境变化时的恢复力，因此，探索 ITV 的变化趋势能为理解动植物对环境变化的响应机制提供新的研究途径。本报告拟以北美鸟兽的标本数据来探讨 ITV 变化的趋势及其影响因素。

第四纪气候变化对全球树木 β 多样性格局的影响

徐武兵

德国综合生物多样性研究中心 The German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv)

As Earth's climate has varied strongly through geological time, studying the impacts of past climate change on biodiversity helps understand the risks from future climate change. However, it remains unclear how paleoclimate shapes spatial variation in biodiversity. Here, we assessed the influence of Quaternary climate change on spatial dissimilarity in taxonomic, phylogenetic and functional compositions among neighboring 200-km cells (beta-diversity) for angiosperm trees worldwide. We found that high glacial-interglacial temperature change was strongly associated with low spatial turnover (species replacements) and high nestedness (richness changes) components of beta-diversity. Moreover, phylogenetic and functional turnover was lower and nestedness higher than random expectations based on taxonomic beta-diversity in climatically unstable regions, reflecting phylogenetically and functionally selective processes in species replacement, extinction and colonization during glacial-interglacial oscillations. Our results suggest that strong future climate change is likely to cause reduction and homogenization in taxonomic, phylogenetic and functional tree diversity at landscape scales worldwide.

亚洲哺乳动物多样性爆发和周转与新生代地质和气候事件 同步发生

Anderson Feijó¹; 葛德燕¹; 温知新¹; 程继龙¹; 夏霖¹; Bruce D. Patterson²; 杨奇森¹

¹ 动物进化与系统学院重点实验室, 中国科学院动物研究所 北京 100101;

² Negaunee Integrative Research Center, Field Museum of Natural History, Chicago, IL, USA

Asia's rich species diversity has been linked to its Cenozoic geodiversity, including active mountain building and dramatic climatic changes. However, previous studies on the

diversification and assembly of Asian faunas have been derived mainly from analyses at taxonomic or geographic scales too limited to offer a comprehensive view of this complex region's biotic evolution. We investigated the range evolutionary history of 3,114 mammal species distributed across Asia and adjacent continents to reveal how and when the mammal diversity in Asian regions and mountain hotspots (Himalayas and Hengduan) was assembled. In particular, we assessed the roles of in situ speciation, colonization, vicariance, and associated geoclimatic events to explain the buildup of Asia's regional mammal diversity through time. We found that tropical forests of southern Asia have served as a major center of diversification, being the main cradle of mammal diversity in Asia. On the other hand, species richness in other regions is mainly derived from colonization, but by the Miocene, in situ speciation increased in importance. The high biodiversity present in the mountain hotspots is a product of high colonization instead of in situ speciation, making them important centers of lineage accumulation. Our study shows that Neogene was marked by great diversification and migrations across Asia and surrounding continents but Paleogene environments already hosted rich mammal assemblages. We further revealed that synchronous diversification bursts and biotic turnovers are temporally associated with tectonic events and drastic reorganization of climate that took place throughout the Cenozoic in Asia.

Keywords: aridification, Asian monsoons, biotic assembly, orogeny, tectonic collision

Beta 多样性的度量及其时空格局

邢丁亮

华东师范大学生态与环境科学学院

dlxing@des.ecnu.edu.cn

Beta 多样性是生物地理学与群落生态学研究中的重要概念，有众多不同的度量方法，其中以 Whittaker 经典指数为代表的多群落 Beta 多样性度量方法对样本量敏感，取值随取样群落数量的变化而变化，给不同区域或同一区域不同时间 Beta 多样性的比较带来挑战。我们的研究从两方面解决这一问题。首先，我们提出了经典 Beta 多样性指数的理论解析模型，进而推导出基于一个零模型的 Beta 多样性标准化效应值与样本量之间服从幂指数为 0.5 的幂律关系，为该零模型的应用提供了样本量矫正方案。其次，我们提出一个全新的 Beta 多样性指数，该指数为 Whittaker 指数的自然扩展，但可以证明其为无偏估计，不受样本量影响。本报告将通过两个具体案例来探讨这些新方法在 Beta 多样性时空格局研究中所能提供的新见解。

中国高山生态系统土壤微生物分布特征及影响因素研究

王堃玮，宗盛伟，吴正方

东北师范大学地理科学学院长白山地理过程与生态安全教育部重点实验室

wang0w815@nenu.edu.cn

高山生态系统作为环境恶劣、养分周转率低的区域，其土壤微生物组成丰富，在维持生物地球化学循环中发挥着重要作用。由于气候变暖和植被组成的改变导致高山生态系统发生显著变化，土壤微生物群落的组成、生物量和生物地理模式对于理解高山生态系统环境变化

的过程和机制至关重要。在本研究中，我们通过对中国 7 座高山（长白山、色季拉山、巴朗山、玉龙雪山、天山、阿尔泰山和祁连山）的高山生态系统进行海拔梯度的植物调查和土壤采样工作，通过非线性回归模型、线性混合模型、结构方程模型和方差分解分析研究了高山生态系统的土壤微生物海拔分布模式，并量化了四类环境因素（气候、土壤、植物和地形）的共同影响，结果表明：（1）高山生态系统中的土壤微生物具有独特的模式，与林线以下的森林生态系统不同，在林线过渡带附近土壤总的微生物生物量、细菌和真菌微生物生物量达到峰值，在林线至植物分布上限呈下降趋势；（2）高山生态系统植物功能性状与土壤微生物群落组成之间联系较强，株高、叶干物质含量和叶片氮含量对土壤微生物真菌/细菌比率有主导作用，土壤微生物生物量随着比叶面积的增加而增加；（3）植物和土壤微生物之间的联系不仅受制于土壤特性，而且还受制于气候和地形因素。气候和土壤因素对土壤微生物生物量海拔分布的共同作用高于植物、气候、土壤和地形的单独作用。我们的研究结果有助于阐明环境对高山生态系统中土壤微生物分布模式的过滤作用机制。

横断山-安地斯山植物多样化形成历史的比较研究——以小檗属为例

游旨价、张秋月、星耀武

中国科学院西双版纳热带植物园、热带森林生态学重点实验室 勐腊 666303

youzhijia@xtbg.ac.cn

山地地区是生物多样性富集的区域，解析其形成与演化历史是认识现今生物多样性分布格局的关键，但目前鲜有研究比较不同山地生物多样性形成历史的差异及其驱动机制。本研究以分布在横断山—喜马拉雅和安第斯山的山地灌木类群小檗科小檗属为研究对象，在广泛取样的基础上，利用基因组浅层测序数据重建小檗属高分辨率的种间系统发育关系；通过生物地理分析、比较系统发育学及多样化速率分析等方法，重建小檗属的多样性演化历史，比较小檗属在横断山—喜马拉雅山和安第斯山多样性演化历史的异同和联系。我们的研究结果表明，不同山地的小檗类群，尽管可能经历相似的地史与气候变迁事件，但因为各自经历的性状演化历史不同，最终使得物种多样化的历史十分不同。

人类聚居地区的古树：多样性、分布格局与保护实践

黄力^{1,2}，杨永川²，唐志尧¹

¹ 北京大学城市与环境学院生态研究中心，地表过程分析与模拟教育部重点实验室，北京 100871

² 重庆大学 三峡库区生态环境教育部重点实验室，重庆 400045

huang900722@163.com

古树是人类聚居地区十分重要的生物和文化遗产，在生物多样性保育、生态系统服务和文化象征等方面具有无可替代的作用。中国是世界上生物多样性最高的国家之一，中国同时具有几千年不曾间断的历史和文化。目前，大量的古树被保存在城市和乡村地区，为我们提供了宝贵的研究古树大尺度分布格局和保护实践的机会。我们通过数据收集的方法建立了一

个包含中国 1925 个区县的古树物种-丰度数据的数据库，在此基础上分析了中国古树大尺度的分布格局和驱动因素；结合古树物种的自然分布数据、功能性状和人类利用等数据，分别从物种和空间尺度分析了影响古树在人类聚居地区长期留存的关键生物性状和环境条件；并且以西南山地的少数民族聚居地区的仡佬族为例，实地调查了古树得以长期保存的文化根源和古树保护实践。主要得到以下发现：（1）中国的人类聚居地区保存了数量巨大和物种丰富的古树，有超过 300 万个个体和 1700 个树种；（2）西南山地是中国古树物种多样性的热点地区；（3）古树在人类聚居地区的长期保存与物种功能性状和人类利用性状密切相关，潜在树高更高、叶片面积更小和具有长期利用历史的树种具有更高的概率被保存古树；（4）西南山地对古树的长期保存更加友好，尤其是对那些没有实用价值和文化价值的树种；（5）具有长期利用历史的树种在高强度人类干扰的区域（比如华北地区）亦具有较高的机会被长期保存；（6）西南山地多样的生物文化（比如风水文化和树崇拜文化）对当地古树的长期保存具有决定性作用，并且村规民约、家族规定和民族禁忌等限制了当地居民对古树的破坏行为。这些研究结果为揭示人类聚居地区古树大尺度分布格局的成因、物种库的形成机制以及人类文化在古树保护中的作用等科学问题提供了重要视角，并且对古树的保护具有重要的参考价值。

关键词：古树，多样性格局，影响因素，生物文化，保护实践

从卫星遥感的视角看人类活动对全球森林多维结构的影响

李旺

中国科学院空天信息创新研究院 北京 100091

当前人类活动成为改变地球系统结构和功能的主要驱动因子之一，越来越多的国家和国际组织开始意识到人类正面临全球变化背景下生物多样性和气候危机。森林生态系统是地球上最具活力的生态系统之一，目前国内外针对森林生物多样性的研究涵盖了物种、谱系以及功能性状等多个方面，本报告主要以森林多维结构为切入点，介绍如何从卫星遥感监测的视角看人类活动对全球森林多维结构空间分布格局的影响，简单阐述人类主导的环境下全球森林生态系统恢复、生物多样性保护和可持续发展面临的挑战。

种群补偿效应在维持物种分布边界种群中的重要性

杨贤宇，张健

华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200062

jzhang@des.ecnu.edu.cn

Despite recent rapid climate change, many species' ranges have remained stable and it remains unclear why. Demographic compensation — the opposing responses of vital rates along environmental gradients — potentially delays anticipated species' range contraction under climate change, but no consensus exists on its actual contribution. Here, we performed a continental-scale demographic study involving a total of 314 694 individuals of 81 tree species in the 13 729 North American forest plots. We found that 43% of species showed stable population size at both northern and southern edges. Demographic compensation was detected in 25 species, yet 15 of them still showed a potential retraction from southern edges, indicating that compensation alone

cannot maintain range stability. Simulated climatic warming caused larger decreases in population growth rate for most species and weakened the effectiveness of demographic compensation in stabilising ranges. These findings suggest that climate stress may surpass the limited capacity of demographic compensation and pose a threat to the viability of North American tree populations.

北美树木多度与距离的关系具有尺度依赖性

黄景月 邢丁亮*

华东师范大学生态与环境科学学院, 浙江天童森林生态系统国家野外科学观测研究站 上海 200241

jingyue_huang@qq.com

多度—中心假说认为物种在其地理分布区或环境生态位中心多度最高, 该假说是否成立一直存在争议。之前的研究大多使用基于传统样方/样点尺度调查的多度数据来检验这一假说, 忽视了物种空间分布的聚集性与小尺度物种多度影响因素的复杂性, 得出多度—中心假说不成立的结论。综合考虑这些因素, 我们提出多度—中心假说的证据应该具有尺度(粒度)依赖性, 尽管小粒度的物种多度具有较高随机性, 不能由空间或生态位位置来预测, 但在较大的空间粒度中物种多度还是受确定性的生态位机制控制, 多度与样点到物种分布区中心的距离之间应呈负相关关系。我们使用美国农业部森林清查(FIA)数据对该预测进行了检验, 结果与我们的预测一致, 在 FIA 样点尺度, 仅有 25% 的物种符合多度—中心假说; 但当取样粒度为 0.125°、0.25°、0.5°、1°、2° 时, 分别有 36%、44%、51%、52%、57% 的物种多度与距离之间呈现出显著的负相关, 从而支持多度—中心假说。本研究表明物种多度的决定因素具有尺度依赖性, 基于局域多度数据的物种分布模型构建以及生物保护实践应注意避免尺度错配。

关键词: 多度—中心假说, 生态位位置, 宏生态学

‘空间代替时间’的方法推断树木分布动态会受到取样偏差的影响

倪明

加拿大舍布鲁克大学

全球变暖会促进许多物种向高纬度地区迁移。一种推断树木是否正在迁移的方法是对幼树与成(年)树的地理分布进行比较: 如果树木正在迁移, 幼树会比成树分布更北。但是以往不少研究发现幼树比成树分布更狭窄, 从而推断树木没有向北扩张。不过这些研究都忽略了一个问题: 在大尺度树木调查数据中, 成树调查面积常常远大于幼树, 所以幼树的分布范围可能相对于成树被低估了。在这项研究中, 我们先进行了一个空间模拟实验, 发现取样强度越大, 估计的种群北部边界值也更大。然后我们使用美国森林调查数据对 92 种植物成树与幼树的分布进行比较, 并且设计了两种重抽样的方法去降低取样偏差。我们发现在进行重抽样后, 幼树空间分布其实比成树更广, 表明之前的结论是由于取样偏差导致的。所以当我们在进行种群或者物种的分布范围比较时, 应该要注意取样强度是否均衡的问题。

Climate change alters spatial pattern of plant spectral diversity across forests types

Yu Peng*, Jiaxun Xin, Nanyi Peng, Yanyi Li, Jijiao Huang, Ruiqiang Zhang, Chen Li, Bingzhang Gong,
Yimeng Wu, Ronghui Wang, Linyan Yang, Qianshi Dong, Jiajia Huang

Minzu University of China, College of Life and Environmental Sciences, Beijing 100081, China

* yuupeng@163.com

Species' distribution, spatial distance and neighborhood interactions are among the important drivers for the global variation in species diversity. The relationship between species' spatial association and species diversity should vary under climate change; however, it is still unknown. We apply twelve machine learning models to assess the responses of spectral variance (indicate species diversity) of forests in core zones in forest protected areas in China to the changes in 27 climate variables during two stages: 1990-2005 and 2005-2020, via spatial analyst and remote sensing techniques. The results indicate that spectral diversity and intraspecific spatial distance have increased significantly under climate change. These also brought strong feedback to the variation in spectral diversity. In particular, it administrates that the contribution of neighboring interaction and plant-plant distance to the variation in species diversity from 1990 to 2000 is higher than those of climate change across forest types. Our analyses reveal that species diversity, plant-plant interaction and spatial distance have closely associated each other and sharply shifted under climate change. This spatial interaction point of view can give additional insights in understanding the mechanism of species diversity change under climate warming than community composition alone.

Keywords: Spectral diversity, forests, spatial distance, macroecology, species diversity, climate change

气候变化脆弱度的空间尺度依赖

吕牧羊, Walter Jetz

英国伦敦大学学院

Assessing which species might be most impacted by climate change is important for biodiversity conservation. A central issue of assessing species' vulnerability to climate change is spatial grain, which strongly affect species' exposure and sensitivity to climate change. Using 1804 bird species in the Western Hemisphere, we find a 46% turnover of the most vulnerable species (top 20%) when grain size increases from 1km to 128km. With a novel partitioning method, we find that temperature change vulnerability contributes the most to total climate change vulnerability and is also most sensitive to spatial grain. The scale-dependence of climate change vulnerability is most affected by the environmental autocorrelation. Tropical regions such as the Amazonian forests, Atlantic forests and Caribbean islands harbor the most scale-sensitive species. Our results highlight the spatial variations of the scale-dependence of climate change vulnerability and call for cautious assessment for scale-sensitive species in the most affected regions.

森林灌丛群落优势种的大尺度分布格局研究

侯颖、倪健*

浙江师范大学化学与生命科学学院，浙江金华，321004

2024403963@qq.com

物种空间分布格局能够阐释植物与环境的关系，是探究物种共存理论、生物多样性形成和维持机制的科学基础，对于有效保护和利用生物多样性资源与生态系统管理具有重要意义。本研究以我国森林大样地为基础，集成我国不同生物气候区、不同森林生态系统的木本植物优势种空间分布格局，分析所有尺度和最大尺度上优势种分布格局沿不同植被类型、温度带和海拔梯度的特征及其变化规律，并探讨其与环境之间的关联。结果表明：随气候梯度的变化，在我国由北至南、从高海拔山地到低海拔山地的不同森林植被类型中，优势木本植物的空间分布格局以聚集分布为主，随机分布次之，很少为均匀分布；优势种聚集分布的程度与分析尺度呈负相关，即尺度越小，聚集分布的程度越高。优势种的空间分布格局特征及其三种分布格局所占的比例沿温度带、海拔梯度的变化趋势在所有尺度和最大尺度上均一致，但优势种不同分布格局的比例沿植被类型的变化趋势在所有尺度和最大尺度上存在不同。聚集分布与纬度具有负相关性，即纬度越低，优势种聚集分布的程度越高，而与年均降水量呈一定的正相关，年均降水量越高，优势种聚集分布的程度越高，但与年均温相关性不强，呈波动变化趋势。

关键词：分布格局；多样性；优势种；大样地

Comparative studies on functional diversity of tadpoles and adults of Anura in China

Song Yanfang

Southwest Forestry University, Kunming, 650224

1214294907@qq.com

Functional diversity is one of the core components of biodiversity. However, the majority of animal species on this planet experience dramatic morphological and ecological transformation during their ontogeny, which is called complex life cycles. As the functional traits are different at separated life-history stages, the patterns and drivers of functional diversity may also differ. Herein, we reconstructed functional diversity patterns of both tadpoles and adults of Anura, a typical vertebrate group with complex life cycles. We collected functional traits of all Chinese anuran species, which covered 431 species and distributed in diverse environments from tropical rainforests to alpine steppes. We calculated standardized effect sizes of metrics representing three facets of functional diversity: richness, divergence and dispersion. The results support that the patterns are different between tadpoles and adults. The functional richness is significantly clustered in tadpoles due to their habitats and simpler body plan. Because of the restricted functional space, the tadpoles have a different strategy to reduce competition. Functional divergence is higher in tadpoles than in adults, which means tadpoles are closer to the boundary of the restricted functional space to maintain higher niche differences. But at the adult stage, the

higher level of functional dispersion guarantees the niche differences. We also identified environmental drivers of diversity patterns. The drivers are different between larval and adult stages in every aspect of functional diversity, which is congruent with the adaptive decoupling hypothesis.

Keywords: Functional diversity; Complex life cycles; Anura

气候变化对东北地区柞属典型树种适宜分布区的影响

龙绍芬, 叶吉*

中国科学院沈阳应用生态研究所 沈阳 110016

long18310858051@163.com

中国东北地区地处中高纬度及欧亚大陆东端,是气候变化敏感区,其物种地理分布格局容易受到气候变化的影响。为探究东北地区柞属树种适宜分布区对气候变化的响应情况,本研究基于该地区柞属典型树种(水曲柳、花曲柳、小叶柞)分布点数据和 worldclim 全球气候平台获取的 19 个生物气候因子数据,应用人工神经网络模型(ANN)、广义线性模型(GLM)、最大熵模型(MaxEnt)等 8 种经典物种分布模型筛选构建出最优的集成物种分布模型,并结合地理信息系统评估东北地区柞属典型树种在 3 种未来气候变化情景下(SSP126 可持续路径、SSP245 中间路径、SSP585 化石燃料为主发展路径)的适宜分布区变化。结果表明:(1)影响柞属不同树种地理分布的主要气候因子存在差异:水曲柳分布主要受水分影响(最冷季度降水量贡献率 52.6%、最热季度降水量贡献率 25.3%),花曲柳分布受温度和水分影响相当(年降水量贡献率 39.1%、温度变化方差贡献率 30.1%),小叶柞分布主要受温度影响(等温性贡献率 47.9%、最冷季平均温度贡献率 30.4%)。(2)在预测东北地区柞属典型树种的分布模型中,随机森林模型(RF)预测精度最高(AUC 水曲柳=0.904, AUC 花曲柳=0.915, AUC 小叶柞=0.976),选择 RF、GBM 和 MaxEnt 构建的集成物种分布模型拟合情况则更准确可靠。(3)不同未来气候情景下东北地区柞属典型树种适宜分布区的变化情况有显著差异,整体来看,在 SSP126 情景下,花曲柳和小叶柞的适宜分布区面积与当前相比增加 30%-40%,水曲柳适宜分布区面积扩增幅度更大,约扩增 1 倍;在 SSP245 与 SSP585 情境下,其适宜分布区面积先少有扩张后保持不变,多数情况下高适生区与中适生区面积变化发生了抵消,局部高适生区转为中适生区;水曲柳适宜分布区空间变化率明显比花曲柳、小叶柞的空间变化率大。(3)通过对适宜分布区进行质心迁移分析,在 SSP585 情境下,水曲柳的适宜分布质心北移距离为 70km,花曲柳北移 25km,小叶柞则变化不大。因此,本研究拟合大尺度气候因子与树种分布之间的关系,分析了气候变化对东北地区柞属典型树种的适宜分布格局影响,为柞属树种的资源保护和开发利用提供科学依据,有助于评估植物对全球气候变化的响应和理解植物的适应机制。

关键词: 东北地区; 柞属; 物种分布模型; 气候变化; 适宜分布区

人类活动对两栖类多样性格局的影响

黄娜, 张永俊, 宋艳芳, 刘睿, 周炜祎

兰州大学生态学院 兰州 730000

huangn2020@lzu.edu.cn

进入人类世以来,人类活动极大的改变了整个地球的面貌,也影响了生物的分布与表型。对于生物多样性格局,人类活动的影响是否已经超过自然因素的影响?不同区域人类活动对生物多样性的作用方式是否存在差异?为了回答这两个问题,我们以两栖类为研究对象,研究了人为因素和自然因素对生物多样性格局的影响。通过收集整理两栖类物种的分布,功能性状等数据,我们重建了它的生物多样性地理格局。我们选择了包括气候、海拔、净生产力等环境因素代表自然因素,选择土地利用持续时间和人类足迹指数代表人为因素,通过随机森林模型识别人类活动对生物多样性的影响超过了自然因素以及受人类活动影响较大的区域。同时,基于单因素空间回归模型,我们检验了不同的人类影响热点区中,两类人类活动对多样性作用的具体方式。我们的结果显示,自然因素仍然是生物多样性格局形成的主要原因,但人为因素的影响不可忽视,并在不同热点区域作用方式不同。

关键词: 多样性格局; 人类活动; 两栖类; 驱动因素

专题 8. 生物入侵（召集人：丁建清、郭文永）

植物入侵对生物多样性的间接影响

李博

云南大学 昆明 650091

bool@ynu.edu.cn

外来物种入侵是导致生物多样性丧失的主要驱动力之一，其对生物多样性具有直接或间接的影响。当入侵种对土著物种的影响由第三个物种或通过生态系统中的其他环节介导时，就会产生间接影响。本报告将以外来入侵植物为对象，扼要介绍其如何通过改变物种间相互作用和生态系统过程而影响土著生物多样性。

氮形态利用可塑性和偏好的种间差异对物种共存和多度的影响及环境效应

冯玉龙, 管铭

沈阳农业大学生物科学技术学院, 沈阳 110866

yl_feng@tom.com

It has been known that plasticity and preference are two of the strategies for plants to use different forms of soil nitrogen (N). However, little is known about their effects on species co-existence and dominance within communities, and the effects of species identities (dominant vs. non-dominant) and environments. To address these problems, we measured species dominance, the contents of different N forms in rhizosphere soil and their proportional contributions to leaf N, plasticity and preference in N form uptake for 19 plant species from three vegetations at different altitudes in Changbai Mountain, northeast China. The contents of NH_4^+ were higher and those of NO_3^- were lower in the rhizosphere soils from both the dominant and non-dominant species in the high relative to low altitude vegetations, but the dissolved organic N was still the main N source in these vegetations. Species dominance was positively associated with the proportional contributions of the dissolved organic N and the main inorganic N form to leaf N, the plasticity in N form uptake, and the preference for the main soil inorganic N form, while negatively with the proportional contribution of the subordinate inorganic N to leaf N, and the preference for the subordinate inorganic N form in all three vegetations. More significantly, N form uptake plasticity was more important in determining the variations in species dominance for dominant relative to non-dominant species and in low relative to high altitude, while N form preference was more important for non-dominant species and in high altitude. These results showed that the association between species dominance and the proportional uptake of different soil N forms was not influenced by the altitude-driven changes in soil N forms (maybe a universal phenomenon), and further revealed the underlying mechanisms (plasticity and preference). Our study indicates that interspecific niche differentiation of N forms may contribute to species co-existence and dominance within communities, providing novel evidence for niche differentiation theory.

Keywords: ^{15}N natural abundance method; niche differentiation of nitrogen forms; preference; plasticity; species co-existence; species dominance; utilization of different nitrogen forms

不同光环境和入侵程度对美洲商陆入侵本地植物群落的影响

马金叶, 郭霄*, 王奎玲*

青岛农业大学园林与林学院 266109

majinye370982@163.com

生物入侵现已成为世界范围内对生物多样性和生态系统功能的主要威胁之一,还会造成巨大的经济损失。随着全球变化的加剧,入侵形势依旧严峻,入侵种的数量正在不断增加。植物入侵是一个渐进的过程,主要包括引入、定殖、种群建立和扩散。外来植物入侵过程的变化可能会改变本地群落组成,这一变化也会受到全球变化中其他非生物因子的影响。光照是一种存在高度异质的环境因子,影响着植物的生长、生存以及群落中的种内与种间竞争作用,前人的研究大多只考虑恒定条件下的光资源变化,但很少有人研究光资源波动对于外来植物入侵的影响。

本实验以外来入侵植物美洲商陆(*Phytolacca americana*)为主要研究对象,选取与美洲商陆共存的 4 种本地植物—藜(*Chenopodium album*)、黄花蒿(*Artemisia annua*)、蒲公英(*Taraxacum mongolicum*)和紫花地丁(*Viola philippica*)构建人工植物群落,设置 5 个不同入侵梯度,即每盆内分别移入 1 株、2 株、4 株和 6 株初始大小相同的美洲商陆,同时设置无美洲商陆的对照处理;并且设置三种光照处理,即恒定高光(High Light,施加正常光照)、恒定低光(Low Light,覆黑色遮阳网)和变化光(Variable light,低光-高光-低光),来研究光异质环境对不同入侵程度的美洲商陆和本地群落生长和生理生态指标的影响。结果表明,随着入侵程度的加剧,美洲商陆的株高、冠幅、单株生物量、比叶面积、Fv/Fm 以及叶绿素比均显著降低,而茎生物量、叶生物量、地上生物量、叶绿素 b 含量显著增加,其相对优势度也会显著增加。在低光和变化光下,美洲商陆的株高、冠幅、各生物量指标和各叶片形态生理指标均显著高于高光下,其相对优势度变化趋势相似。对整个群落的影响则表现为:群落地上生物量和群落总生物量随着入侵程度的加剧而显著降低,而群落地下生物量和总生物量在变化光下显著高于低光和高光,尤其在入侵程度最大时。此外,低光下美洲商陆对植物群落的负效应最大。以上结果表明,在低光照条件下本土群落更易受到入侵程度的影响,这可能与美洲商陆相对于本土植物群落更好的适应能力有关。因此,本研究为更好地理解光异质性环境条件下美洲商陆的入侵机制并预测其在全球变化背景下的未来扩张提供了理论依据。

本地生物多样性对植物入侵的阻抗机制探索

刘艳杰

中国科学院东北地理与农业生态研究所中国科学院湿地生态与环境重点实验室 长春 130102

外来植物入侵对本地生物多样性、生态安全、社会经济发展和人类健康造成了严重威胁。探究植物入侵机制对全球生态可持续发展具有重要意义。自 1958 年 Charles Elton 提出“多样性-入侵性”假说以来,生物多样性抵御外来植物入侵的作用与机制一直是入侵生态学研究的核心问题之一。该假说认为本地群落物种多样性越高,外来植物成功入侵的概率越低。多数研究认为物种多样性高的群落内空余生态位较少,留给外来植物可利用的资源更少,因此降低了其入侵机会。除资源竞争外,土壤微生物与化感作用也可能对两者之间的负相关关系有一定的调控作用。但是,目前尚无研究论证这些不同的过程是否、以及如何共同参与了本地植物多样性对外来植物入侵的抵抗力。本研究利用一组由本地植物和外来入侵植物组成的实验系统,通过四个独立的实验分别探究养分有效性、化感作用、土壤微生物群以及土壤遗留效应对本地生物多样性抵抗外来植物入侵的调控作用。结果表明:虽然土壤养分有效性、化感作用、土壤生物群和土壤遗留效应对外来植物物种和本地植物群落的生长有所影响,但是只有土壤微生物与化感作用影响多样性-入侵性之间的负相关关系。重要的是,通过在养分竞争实验中排除化感作用与土壤生物群的潜在影响,我们发现单独的养分竞争并不驱动本地植物多样性对外来植物的抵抗力。

关键词: 植物入侵; 生物多样性; 外来种

外来入侵脊椎动物对我国生物多样性的危害亟待评估

杜元宝¹, 涂炜山^{1,2,3}, 杨乐⁴, 顾党恩⁵, 郭宝成^{2,6}, 刘宣^{1,6}

1 中国科学院动物研究所, 动物生态与保护生物学国家重点实验室, 北京 100101;

2 中国科学院动物研究所, 动物进化与系统学国家重点实验室, 北京 100101;

3 中国科学技术大学, 生命科学与医学部, 生命科学学院 合肥 安徽 230026;

4 西藏自治区高原生物研究所, 拉萨 西藏 850000;

5 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 农业农村部外来入侵水生生物防控重点实验室, 中国水产科学研究院外来物种与生态安全重点实验室, 广州 广东 510380;

6 中国科学院大学, 北京 100049

liuxuan@ioz.ac.cn

外来物种入侵是 IPBES 评估的影响全球生物多样性的五大因素之一, 鱼类、两栖爬行类、鸟类和兽类等脊椎动物作为食物链的上游类群, 可通过捕食、竞争、繁殖干扰、基因污染、疾病传播等多种方式对生物多样性造成危害。IUCN 评估的全球百大最具威胁的外来入侵物种中 30% 是脊椎动物, 全球 1300 余种受胁脊椎动物与超过 200 种入侵物种相关, 其中很多是入侵脊椎动物。在贸易全球化、气候变化、和人类活动日益加剧背景下, 目前已有 1000 余种外来脊椎动物通过各种方式流入我国, 这些物种通过养殖逃逸、宠物弃养和宗教放生等途径进入野外后具有较高的建群风险, 近年来鳄雀鳝 (*Atractosteus spatula*)、温室蟾 (*Eleutherodactylus planirostris*)、拟鳄龟 (*Chelydra serpentina*) 和北美水貂 (*Mustela vison*) 等新发外来物种不断在我国记录和报道, 未来亟需开展外来脊椎动物在我国的入侵家底及其对生物多样性危害的调查研究, 服务外来物种入侵管控和生物多样性保护的国家需求。

关键词: 生物入侵; 脊椎动物; 生物多样性保护

生物入侵：生物地理学的天然实验

刘春龙、Christian Wolter、线薇薇、Jonathan Jeschke

中国科学院水生生物研究所 武汉 430072

liuchunlong@ihb.ac.cn

生态位是制定生物多样性保护措施的关键概念，而物种分布模型是生物多样性保护的重要工具。因此，阐明物种生态位的变动模式以及物种分布模型的预测能力是生物地理学研究的热点话题。生物入侵为从全球尺度上回答相关问题提供了难得的机会，因为入侵种的生态位变动在原产地与入侵地之间呈现出多种模式，且其分布数据在两地是相互独立的。我们将生物入侵作为生物地理学的天然实验，通过构建统一量框架对已发表研究的结果开展了整合分析，回答了三个问题：（1）入侵种的生态位在原产地和入侵地之间是否保守；（2）物种分布模型在新环境中是否有较高的预测能力（即，转移度）；（3）生态位变动如何影响模型转移度。研究发现，物种在入侵地的生态位扩张非常有限，且通常与原产地生态位在环境空间中占据相似的位置，总体上支持了生态位保守假说。物种分布模型的转移度在陆生恒温动物、引种历史较短、多个引种途径的入侵种中较高，转移度与模型的变量数目成负相关、与校正数据的数量呈正相关。此外，在原产地和入侵地之间占据相似生态位的入侵种的模型转移度明显较高。以上研究结果保证了生态位理论和物种分布模型能够更好地用于生物多样性的管理和决策过程中。

关键词：生物入侵，物种分布模型，生态位，全球尺度

The maintenance mechanism of RTB–fungus invasive complex

Fanghua Liu^a, Jianghua Sun^{ab*}

^a School of Life Sciences, Institutes of Life Science and Green Development, Hebei University, Baoding 071002

^b State Key Laboratory of Integrated Management of Pest Insects and Rodents, Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101

liufanghua5@163.com; sunjh@ioz.ac.cn

Mutualisms between symbiotic microbes and animals have been well documented, and nutritional relationships provide the foundation for maintaining beneficial associations. The red turpentine beetle (RTB), *Dendroctonus valens* LeConte, an invasive pest in China, has destroyed millions of healthy pines in China and forms context-dependent relationships with associated fungi. This well-studied mutualism between bark beetles and their fungi has been identified as a classic model system in the study of symbioses. However, the nutrition of their feeding substrates is very poor, and the nutritional competition between bark beetles and beneficial fungi is also observed. Thus, how the bark beetles and associated fungi maintain mutualistic associations over time is needed to be explored. Here, we demonstrated the RTB relied on the symbiotic bacterial volatile ammonia, as a nitrogen source, which triggers *L. procerum* to regulate its carbohydrate metabolism by accelerating the consumption of carbohydrates and synthesize more D-glucose, the preferred carbon source for beetle larvae to alleviate nutritional competition. Using stable isotope analysis, we found the fungus breakdown of phloem starch into D-glucose by switching on amylase genes

only in the presence of ammonia. Deletion of amylase genes interferes with the conversion of starch to glucose. The nutrient consumption–compensation strategy mediated by tripartite beetle–fungus–bacterium aids the maintenance of this invasive mutualism under limited nutritional conditions, exacerbating its invasiveness with this competitive nutritional edge. Interestingly, our recent study showed that symbiotic microbes are able to utilize the main carbohydrate in pine phloem, D-pinitol, which is detrimental to beetle larvae fitness, suggesting an underlying mechanism to help bark beetles adapt to the adverse nutritional condition.

气候变化下的入侵植物的进化机制、生态效应及其生物防治

孙燕

华中农业大学 武汉 430070

s21y@163.com

生物入侵是一个全球性的生态安全问题，特别是恶性入侵杂草形成的优势种群，导致入侵地生物多样性丧失，削弱当地生态系统的服务功能，威胁生态系统健康和农业可持续发展。随着全球气候变化加剧，极端天气事件频发、强度增强，有害入侵植物的防控效果亦面临新的挑战。因此，如何绿色可持续防控入侵植物已成为我国当前生态文明建设的紧迫任务之一。本研究通过探究入侵植物适应新环境的生态进化历程，研究其对气候变化等生物和非生物因子的响应，揭示外来植物成功入侵的机制，全面评估其生态危害，阐明危害成因，并定量分析和准确预测气候变化下入侵植物的生态效应及其生物防治效果。

该研究以入侵植物豚草及其生物防治天敌昆虫豚草条纹萤叶甲为研究对象，解析了气候变暖下入侵豚草响应生防天敌取食的分子机制，结合田间演化实验(field experimental evolution)及同质园实验从微观（基因，化学代谢产物，土壤微生物）到中观（个体及种群）再到宏观（生物地理学）多维度研究全球变化下的生态与演化的科学问题。研究发现气候变暖导致入侵豚草种群母代与子代在基因型组成上存在显著差异；与对照组子代相比，气候变暖下入侵豚草子代种群具有显著的遗传变异，且各子代种群进化方向趋于一致，表现出更高的生长和繁殖能力。而生防天敌取食会导致入侵豚草母代与子代在代谢组成上发生明显差异；与对照组子代相比，天敌取食下入侵豚草后代种群显著提高了次生代谢产物的分泌，表现出更高的防御性。利用贝叶斯层级模型整合豚草的基因组、代谢组和表型组数据，结果显示，在当地气候条件下，入侵豚草后代通过提高次生代谢产物的分泌来防御天敌，但是其生长受到抑制，表明其在防御性和入侵性上存在权衡关系；而在升温条件下，入侵豚草会通过遗传变异来提高后代的生长性状，其后代利用代谢可塑性提升防御豚草条纹萤叶甲的能力，说明其防御策略调整和入侵性状改变存在同步关系，气候变暖减弱了入侵豚草的生物防治效果，加剧入侵。本研究为全球变暖背景下入侵植物的生物防治提供了重要的理论依据。

关键词：气候变化、多组学研究、快速进化、豚草

非生物-生物胁迫下植物功能性状对入侵成功的贡献

王永健

华中农业大学 武汉 430070

yongjianwang@126.com

在全球变化背景下,各种非生物胁迫与生物胁迫更为频繁,外来植物与同进化起源的共存本地植物间的性状差异,可能是对不同非生物和生物胁迫的适应性强弱的关键,决定了外来植物的入侵性。通过多物种比较研究,探讨光、水分和养分限制性资源等非生物胁迫,天敌等生物胁迫条件下植物功能性状促进植物入侵的贡献。结果表明:1. 限制光、水分和养分资源的一致性和变异性下,克隆性状显著促进入侵克隆植物的生长与竞争优势;2. 多元重金属胁迫环境,固氮性状(N形态高效利用)或克隆性状显著提高入侵植物的适应性;3. 养分限制与天敌作用下,在个体和群落水平,通过叶 C:N 比性状差异调控入侵植物与本地植物取食差异及竞争表现;4. 限制水分和养分资源下,固氮性状(通过氮利用效率或水分利用效率)促进外来木本植物相对于本地木本的竞争优势;而在地上天敌胁迫下,非固氮性状(调节叶 C:N 比率)促进外来木本植物的竞争表现。

关键词: 克隆性状; 植物入侵; 天敌作用; 限制性资源; 竞争优势

植物生态适应策略与群落入侵

郭文永¹, 郭坤¹, Milan Chytrý², Jan Divíšek^{2,3}, Zdeňka Lososová², Petr Pyšek^{4,5}

¹浙江天童森林生态系统国家野外科学观测研究站,华东师范大学生态与环境科学学院

上海 200241

²Department of Botany and Zoology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, 611 37 Brno, Czech Republic

³Department of Geography, Masaryk University, Kotlářská 2, 611 37 Brno, Czech Republic

⁴Czech Academy of Sciences, Institute of Botany, Department of Invasion Ecology, Průhonice, CZ-252 43, Czech Republic

⁵Department of Ecology, Faculty of Science, Charles University, Viničná 7, Prague, CZ-128 44, Czech Republic

wyguo@des.ecnu.edu.cn

外来植物入侵对本地生物多样性、生态系统服务和功能、社会经济发展和人类健康造成了严重威胁,而明确外来物种的入侵性(即哪些物种更易成功入侵)以及生境的可入侵性(即哪里更易被入侵)是对其进行有效防控等管理的前提。研究表明植物生态适应策略理论,即竞争(C)、耐胁迫(S)和杂草(R)策略,可以较好的揭示外来植物成功入侵的机制,并发现其与多种其它入侵相关因素关系紧密,然而能否将该理论用于解释生境的可入侵性目前还缺乏相关研究。因此,基于一套详尽的区域植被调查数据库(Pladias)以及相关物种的系统发育树,我们分析了植物适应策略和谱系关系在引入-归化-入侵这一入侵连续过程中的变化情况。研究发现植物适应策略能较好地反映群落内物种间功能生态位的异同;同时,它也可以很好地与群落的系统发育信息相结合,从而有效地解释入侵群落的构建机制。这些结果对深入理解“那些物种更容易入侵”和“那些地方更容易被入侵”提供了理论参考,亦对外来植物的有效防控提供了重要依据。

关键词: 植物入侵; CSR 策略; 引入-归化-入侵; 群落入侵, 系统发育树

氮沉降对入侵种和本地种的生理生态特征及种间关系的影响

相迟璇, 郭霄*

青岛农业大学 266109

xiangchixuan2022@163.com

氮沉降作为全球氮素循环过程不可或缺的一部分, 人类进行工业革命之后, 生产力大幅增长, 为了获得能源大量使用化石燃料、提升农业而生产使用化学肥料, 大量破坏森林植被以及大力发展畜牧业等, 这些活动都会向大气中排放大量的活性氮化合物, 进而使得大气氮素沉降加剧。人为的干扰大气氮沉降, 破坏了自然界氮沉降的平衡, 全球水、陆生态系统因此受到巨大的影响。

在一定的氮浓度范围内, 氮沉降可以促进植株的地上部分的生长, 而氮沉降的过量对根系的生长是不利的。氮沉降对森林生态的影响是多方面的, 氮素不足地区氮沉降增加能使植物的生长得到充分的利用, 并显示出积极的反应。

入侵植物对生态环境的适应性较强, 可广泛分布于各个地区。由于入侵植物具有较高的饱和度, 使其对氮沉降影响比本地植物明显, 其对养分吸收的竞争力更强, 导致其入侵性随氮含量的升高而增强。本地植物由于长期适应了该地的低氮环境, 长期过多的氮沉降也可能抑制其生长。

为探究在氮沉降背景下外来入侵植物和本地植物的变化, 本研究选取外来入侵植物一年蓬(*Erigeron annuus*)、美洲商陆(*Phytolacca americana*)、反枝苋(*Amaranthus retroflexus*)、小飞蓬(*Conyza canadensis*)和我国本地植物艾草(*Artemisia argyi*)、藜(*Chenopodium album*)、牛膝(*Achyranthes bidentata*)、旋覆花(*Inula japonica*)作为研究对象, 以 NH_4NO_3 为 N 源, 通过研究模拟氮沉降 ($\text{N0: } 0\text{g} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{yr}^{-1}$ 和 $\text{N1: } 12\text{g} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{yr}^{-1}$) 以及单种和混种两种植物, 探究氮沉降对入侵种和本地种的生理生态特征以及种间关系的影响。

通过株高、冠幅、叶绿素含量、相对产量等指标变化的对照, 研究入侵种的入侵机制, 反映生物入侵危害并找到防治措施。结果表明, 氮沉降对不同物种的影响有所不同。氮沉降处理能够促进入侵植物地上和地下部的生物量累积, 能够改变植物的生物量分配和生长形态。随着氮沉降越大, 营养资源对植株的制约作用越小, 植株对光的需求也越高。混种时, 入侵种较为显著的抑制了本地种的生长, 而入侵种自身受到本地种的影响很小, 其在竞争中处于优势地位。相比本地种, 入侵种的生长速率更快, 在土壤养分与光照方面占据了明显的优势。氮沉降在一定程度上可以缓解入侵种对本地种的竞争效应。

基于同质园实验的芦苇植物功能性状变异研究

王警锋¹, 郭霄^{2*}, 刘乐乐³, 许振伟⁴, 郭卫华^{5*}

¹ 山东大学生命科学学院自然资源部渤海生态预警、保护与修复重点实验室 济南 250100;

² 青岛农业大学园林与林业学院 青岛 266109

jfwang1032@163.com

生物入侵是当前世界面临的主要环境问题之一, 并且已经在世界各地造成了严重的影

响。欧洲的芦苇种群在过去的一百年里在北美疯狂入侵,导致了严重的环境破坏和经济损失。此外,AMF 作为一种重要的根际共生体,在植物入侵中起着至关重要的作用。然而,对芦苇入侵的机制以及 AMF 和根分泌物在其入侵中的相对重要性仍知之甚少。我们在中国进行了一个同质园实验,以测试芦苇(*Phragmites australis*)的引入种群与其原生种群和本地种群的功能性状差异,并检验引入种群与其原生种群和本地种群的 AMF 定殖率和根系次生代谢产物之间的关系差异。我们的结果表明引入种群 INT 的株高和基径大于原生种群 EU,而引入种群 INT 的株数少于原生种群 EU。引入种群 INT 进化出了更强的个体生长性能,这与 EICA 假说一致。然而,我们没有发现引入种群中防御能力降低的证据,这可能是由于引入种群的原生地环境和气候与引入地相似,使得预适应在引入种群的扩散过程产生了重要作用。因此我们认为,利用引入芦苇种群的防御性状减弱来抑制其扩张可能效果甚微,而应从其他方面来限制其生长。综上,我们的结果部分支持了 EICA 假设,同时强调了预适应在芦苇入侵过程中的作用。此外,我们还发现引入种群 DELTA 的可溶性糖低于原生种群 MED,而引入种群 INT 没有类似的结果,这可能是由两个引入种群的引入范围在气候和环境方面的差异导致的,引入种群 DELTA 的分布范围内气候较为温和稳定,从而降低了可溶性糖浓度,即降低了对胁迫环境的耐受性。因此,我们的结果也强调了环境和气候在芦苇入侵过程中的重要性。此外,所有种群之间的 AMF 定殖率与单宁、类黄酮和总酚的浓度没有显著差异,AMF 和三种次级代谢产物的浓度之间没有显著相关性。引入种群在 AMF 定殖率方面没有优势,也没有证据表明芦苇通过根分泌物调节 AMF 定殖率。我们认为,可能还存在其他机制可以解释芦苇的地上和地下入侵过程,例如在引入种群中更高的能量分配和利用效率,产生更多的根毛以促进营养吸收,或分泌其他种类的根系分泌物。本研究的结果促进了我们对芦苇入侵成功机制的理解,为预测和管理未来的芦苇入侵提供了参考。

戟叶凯氏草入侵初期的种群结构及扩散潜力

侯书旺¹ 田常炜¹ 夏鹏亮² 姚振^{1*}

¹ 长江大学园艺园林学院 荆州 434025;

² 湖北省烟草公司恩施州公司 恩施 445000

cjdxyaozhen@aliyun.com

戟叶凯氏草(*Kickxia elatine*)是近年来在长江中下游流域报道发现的外来入侵植物,研究在湖北省内首次发现该种。通过对种群年龄结构、形态学及营养器官解剖特征、种子萌发特性、种群分布格局及伴生植物等进行研究,对其入侵初期的种群结构特征和扩散潜力及其潜在风险进行分析。戟叶凯氏草种群年龄结构呈微衰退型,其归化时间短,处于扩散蔓延初期。戟叶凯氏草的形态及营养器官解剖特征都说明其具备一定的扩散潜力:花期长,种子量和生物量巨大,种子极小,千粒重为 0.0504 g,含水量低,叶片上下表皮、茎表面、花梗及花表面、果实、种子表面均被表皮毛,根、茎维管组织木质化程度高,其形态和结构是其入侵成功的基础。戟叶凯氏草种群呈集群分布,在与伴生植物竞争时具备一定优势。戟叶凯氏草会在其所在生态位形成一定的种群规模,但造成大面积扩散和对生态环境的破坏可能性较低。在城市园林绿化维护中,应加强管理和防治,及时铲除。

水氮耦合调控滨海盐沼湿地互花米草群落入侵和土壤种子库格局

贾鹏¹, 曲国娟¹, 贾静¹, 赵雅萍¹, 李德志^{1*}

¹ 华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241

dzli@des.ecnu.edu.cn

水氮含量的变化可以调节全球滨海湿地结构和生物入侵过程。土壤种子库对滨海盐沼湿地生态系统的恢复和植被群落潜在更新能力有重要影响。通过地上互花米草群落盖度的变化模拟不同的入侵阶段来探索互花米草在入侵过程中地上植被群落和土壤种子库的结构和组成,并研究了它们对野外土壤性质和水氮添加的响应。自然条件下,我们发现互花米草群落盖度的增加会限制高度和叶绿素含量的增长,其主要竞争优势主要受地上生物量影响,这一现象受土壤铵态氮和水分含量调控。不同互花米草盖度下土壤种子库物种丰富度相同且互花米草种子密度占总种子密度比例最高。而实验条件下氮肥和水添加会改变互花米草和本地物种稗子草和碱菀种子的密度,其表现为硝酸铵添加量超过 1g/kg 时,互花米草种子密度呈现下降趋势,而稗草和碱菀的密度随水的添加而下降。因此,水氮耦合会改变崇明东滩盐沼湿地互花米草入侵区域土壤种子库的物种组成和地上植被的潜在更新能力。

The application of proteomics in describing *Bidens pilosa* root exudates impact on *Pteris multifida* gametophyte growth

Runlin Cen, Hasnain Moavia, Kaimei Zhang*, Yu Shen*

Co-Innovation Center for the Sustainable Forestry in Southern China, College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing, Jiangsu 210037, China

runlincen@163.com; kaimeizhang1@163.com

The Novel Weapon Hypothesis (NWH) implicates root exudates as a primary factor for successful take over and destruction of native flora by invasive species. However, the precise mechanisms by which invasive species root exudates mediate this impact are unclear. This study compares and evaluates specific allelochemical impacts on native plants under invasive pressure. Specifically, after 10 days' exposure, a label-free proteomics was applied to analyze the proteins and responsive pathway in *Pteris multifida* gametophyte upon exposure to two *Bidens pilosa* root exudates, undecane and palmitic acid. And each treatment has three biological replicates. The data show that 2183 proteins were detected in the untreated *P. multifida* gametophyte; 1911 proteins in the gametophyte treated with the undecane, and 2148 proteins in the gametophyte treated with palmitic acid. After exposure for 10 days, undecane treated gametophytes exhibited morphological anomalies and exhibited chlorosis; palmitic acid exposure induced no such effects, although development was delayed relative to the control. Using GO functional protein analysis and KEGG pathways detection, we found that the root exudates played different roles on gametophyte growth. Undecane down regulated fatty acid biosynthesis, damaging the cell and chloroplast membrane, and ultimately leading to cell death. Palmitic acid down regulated flavonoid biosynthesis,

compromising, the gametophyte photosystem and increasing oxidative stress risk. These findings align with NWH, indicating that the exudate release profile is important to the invasion of non-native species, and have implications for the successful management and control of invasive plant species in agriculture and environment.

Key words: *Pteris multifida* gametophyte; root exudates; invasion species; proteomics; allelochemicals

Ginseng Species: Medicinal and Allelopathic Plants

Hasnain Moavia, Runlin Cen, Kaimei Zhang, * Yu Shen *

Co-Innovation Center for the Sustainable Forestry in Southern China, College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing, Jiangsu 210037, China
hasnainmoavia@163.com

Of the 12 ginseng medicinal species, only 4 spp (*Panax ginseng*, *Panax ginseng*, *P. quinquefolium* and *P. notoginseng*) are important, due to their biological activities, hence, widely used worldwide. These are used for cardiovascular protection, immunomodulatory ability, antioxidants, antitumor, cholesterol lowering and anti-inflammatory activities. Hence, these are used in various products (food, health-food, daily necessities, cosmetics etc.). However, ginseng cultivation causes problems of replanting due to its allelopathic effects. This review provides a comprehensive insight of allelopathic ginseng plant and analyzes the allelopathic effects on soil diseases and soil microorganisms for ginseng researchers. More in-depth research is needed to reveal the mechanism of ginseng allelopathy.

Keywords: medicinal plants; active ingredient; allelopathy; biological activities; ginseng spp.; ginsenosides; *Panax*

Positive interactions of native species melt invasional meltdown over long-term plant succession

Deyi Yin^{1,2} | Scott J. Meiners³ | Ming Ni⁴ | Qing Ye^{1,2} | Fangliang He^{5,6} | Marc W. Cadotte^{7,8}

¹ Key Laboratory of Vegetation Restoration and Management of Degraded Ecosystems, Guangdong Provincial Key Laboratory of Applied Botany, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou, China

² South China National Botanical Garden, Guangzhou, China

³ Department of Biological Sciences, Eastern Illinois University, Charleston, Illinois, USA

⁴ Département de Biologie, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Quebec, Canada

⁵ Department of Renewable Resources, University of Alberta, Edmonton, Alberta, Canada

⁶ ECNU-Alberta Joint Lab for Biodiversity Study, Tiantong Forest Ecosystem National Observation and Research Station, School of Ecology and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai, China

⁷ Department of Biological Sciences, University of Toronto-Scarborough, Toronto, Ontario, Canada

⁸ Ecology and Evolutionary Biology, University of Toronto, Toronto, Ontario, Canada

Positive interactions have been hypothesised to influence plant community dynamics and species invasions. However, their prevalence and importance relative to negative interactions remain unclear to understand community change and invasibility. We examined pairwise biotic

interactions using over 50years of successional data to assess the prevalence of positive interactions and their effects on each focal species (either native or exotic). We found that positive interactions were widespread and the relative frequency of positive and negative interactions varied with establishment stage and between native and exotic species. Specifically, positive interactions were more frequent during early establishment and less frequent at later stages. Positive interactions involving native species were more frequent and stronger than those between exotic species, reducing the importance of invasional meltdown on succession. Our study highlights the role of positive native interactions in shielding communities from biological invasion and enhancing the potential for long-term resilience.

Keywords: competition, establishment stages, facilitation, invasional meltdown, plant performance, positive interactions

重金属铜对入侵植物和本地植物种间相互关系的影响

陈燕妮, 郭霄*

青岛农业大学园林与林学院 青岛 266109

1916244375@qq.com

二十世纪以来,随着科学技术的迅速发展,人民生活水平不断提高的同时,自然环境条件也遭到严重破坏。由于机动车尾气排放、污水灌溉、化肥农药的施用以及矿业发展等,重金属污染已逐渐成为全球生态环境的主要问题之一。而经济全球化的推动,世界各国间交易往来更加密切,生物入侵的步伐加快,生物入侵已被认为是全球三大环境问题之一,在世界范围内对生物多样性和生态系统功能造成威胁,并带来巨大的经济损失。随着重金属对全球环境污染的加剧和生物入侵的不断扩张,未来两者作为常见的环境问题极大可能会产生联系,相互影响。然而,针对生物入侵过程中,重金属的存在会对入侵物种和本地物种间相互关系产生何种影响的研究较为少数。因此,本研究通过温室盆栽实验,模拟我国主要城市的重金属铜(Cu)浓度(约 $102.29 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 为土壤背景值的 4.35 倍),以外来入侵植物小飞蓬(*Erigeron canadensis*)和其自然共存本地植物旋覆花(*Inula japonica*)为研究对象,采用单独种植和混合种植两种栽培方式,探究重金属污染对小飞蓬和旋覆花的生理生态特征以及种间相互关系的影响。盆栽实验于 2021 年 7-9 月间在青岛农业大学温室大棚内开展。研究结果表明:单种条件下,Cu 处理后,小飞蓬和旋覆花的生长性状、叶绿素含量和生物量都有不同程度的下降,二者的生长发育受到限制,种内竞争强度增加。混种条件下,小飞蓬和旋覆花之间表现出明显的竞争关系,且小飞蓬的种间竞争能力强于旋覆花,但弱于其种内竞争能力,旋覆花所有指标均低于单种条件下,其生长明显受到入侵种小飞蓬的抑制。此外,混种条件下 Cu 的添加对小飞蓬的生长发育产生阻碍作用,但促进了旋覆花的生长,旋覆花各指标除叶片数外,较未进行 Cu 处理的对照组相比,均有一定程度的上涨,缓解了两者种间竞争程度。因此我们推测,重金属污染通过限制外来入侵物种生长发育,同时促进本地物种的生长,削弱外来入侵物种的种间竞争能力,进而减缓外来入侵物种的入侵扩张。本研究结果为全球重金属污染环境条件下植物入侵风险评估和未来入侵格局变化预测提供理论依据和实验基础。

关键词: 重金属; Cu 胁迫; 入侵植物; 小飞蓬; 种间关系

Naturalized plants of China: species composition, origin and spatial-temporal distribution

YAN Xiao-Ling^{1,2*}, YAN Jing¹, LI Hui-Ru¹, WANG Zhang-Hua³, DU Cheng¹, CAO Xin-Yue¹, XU Xin-Yan¹

¹Eastern China Conservation Centre for Wild Endangered Plant Resources, Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai 201602

²Chenshan Research Center, CAS Center for excellence in Molecular Plant Science, Shanghai 201602

³Shanghai Huamin Environment Co., Ltd, Shanghai 201602

xlyan@cemps.ac.cn

Naturalized plant is a fundamental precondition for plant invasion. Detailed research on naturalized plants is necessary for predicting and hence preventing plant invasion. Based on literature reports, specimen information and taxonomic research, especially a comprehensive survey of naturalized plants in China from 2010 to 2020, we exclude many native species which have been reported as exotic, and removed some cultivated plants that were considered naturalized plants in previous studies. Finally, we compiled a nationwide species composition of the naturalized plants of China with 759 species, belong to 285 genera and 72 families. We analyzed the species composition, distribution pattern and conducted a comprehensive analysis of their first detected locations, introduced route, and the time when species were discovered. We draw three conclusions: 1) in terms of time scale, China introduced some economic plants from Europe mainly through the Silk Road early. After 1840, the naturalized plants in China showed an exponential growth trend, with a growth rate of 3.2 species/year, and now in a rapid growth. 2) At the spatial scale, the results showed that naturalized plants were present throughout China, with a particularly highly concentrated in the south and eastern coastal areas, maximum species occur in Taiwan (528, 69.47%), followed by Guangdong (374, 49.21%) and Yunnan (348, 45.79%). The distribution pattern of naturalized plants is a potential illustration of the growth trend of invasive plants in China, and most of them are rapidly inland spread. The foreign exchange and the climatic similarity between native and naturalized sites, may be the main factors affecting the diversity and spatial distribution patterns of naturalized plants, the degree of economic development is also one of the important factors that cannot be ignored. 3) From the perspective of the way of introduction, more than 70% of naturalized plants have come from unintentionally introduced species since the first two decades of the 21st century, and the way of introduction is more covert and the prevention and control is more difficult. Therefore, special attention should be placed on preventing the unintentional introduction. As important areas of foreign exchange, South China and East China are faced with the double pressure of alien plant introduction, naturalization and even invasion, so it is necessary to strengthen the Exit and Entry Administration of hot spots especially the ports. This study provides basic information about naturalized plants in China and reveals the factors that shape these patterns, which will be of great guiding significance for further research, applied conservation, public education and management of important invasive plants in China. In the long term, constructing an effective risk assessment system based on an accurate and complete database of naturalized plants is one effective way to eliminate the risk of invasions from alien plant species.

Keywords: biological invasion; non-native plant; invasive plant; regional floras; China

专题 9. 国家公园体系与自然保护地建设（召集人： 徐卫华）

健全国家公园治理体系，高质量推进国家公园体系建设

黄宝荣

中国科学院科技战略咨询研究院 北京 100190

huangbaorong@casisd.cn

中国正在建设世界最大的国家公园体系。丰富的生物多样性、众多特有物种和世界级的自然奇观，“道法自然、天人合一”“民为邦本、本固邦宁”等精神内核和文化遗产，坚实的生物多样性保护和自然保护地建设基础，党中央国务院的高度重视，以及先进的生态文明建设理念和制度保障，也使中国具备建成世界一流的国家公园体系的基本条件。

世界一流的国家公园体系建设离不开世界一流的治理体系。我国正在着力推进国家治理体系和治理能力现代化，以此为契机，我们需高度重视现代化的国家公园治理体系的建设，将建设世界一流国家公园体系的有利条件转为建设实效。

报告将分析中国国家公园治理体系建设的文化根基、制度基础，剖析当前国家公园治理面临的“部门之间、央地之间、区域之间的统筹协调难题”“生态保护和社区发展间的矛盾”“复杂的土地权属问题”“矿业权退出难题”等难题和突出问题。在此基础上，探讨“中国之治”及国家治理体系和治理能力现代化背景下，建立中国特色国家公园治理体系的基本原则和实现路径，提出既根植于中国文化、充分利用“中国之治”优势，又充分借鉴国际先进经验的中国国家公园治理体系建设框架建议，并从以下五个方面提出健全中国国家公园治理体系的具体方案，以期为我国建立世界一流的国家公园及其治理体系提供支撑：一是健全统筹协调机制，解决国家公园在建设和管理上面临的部门之间、央地之间、区域之间的统筹协调难题；二是健全责权明确、依法行政的政府治理体系，深化国家公园管理体制改革，提高国家公园治理效能；三是健全“国家主导、共同参与”的共建共治共享体系，激励多元主体参与国家公园的建设与管理，并确保建设成果惠益全民；四是健全科学决策与咨询机制，促进国家公园重大事项的科学决策、民主决策、依法决策；五是健全国家公园科技支撑体系，全面提升从生态监测到规划布局、资源确权、生态评估、巡护执法、自然教育、访客导览等各环节的治理成效。

保护科学跨学科整合与发展研究

王炜晔¹ 翟大业²

^{1,2} 中国人民大学农业与农村发展学院 北京 100872

¹wangweiye@ruc.edu.cn; ²syzhaidaye@163.com

目前国内保护科学研究呈现出保护自然科学与保护社会科学相互独立、二元分割的局面。依靠单一的保护自然科学或保护社会科学将使保护科学落入理想主义与主观主义的陷阱。从研究内容和研究方法来看，国内保护跨学科研究缺乏整体性、系统性、深入性和规范

性，保护自然科学家在从事保护社会科学研究时专业性不足将阻碍保护科学跨学科知识生产，不利于保护科学知识进步；保护社会科学家在从事保护研究时，对自然科学及自然资源信息结合不足，不利于形成有效政策建议。为此，本文尝试构建基于自然保护地适应性管理逻辑下的保护科学跨学科整合框架，促进保护自然安科学家与社会科学家之间的交流沟通以及保护科学共同话语的形成，为保护与发展之间内在矛盾的化解做出贡献。

国家公园与自然保护地自然标本馆建设

陈彬

上海辰山植物园 上海 200003

chenbin@csnbgsh.cn

国家公园和自然保护地体系里保藏着中国最丰富、最精华的生物多样性资源。其中有哪些物种？有多少，在哪个位置？动态变化情况如何？这些资源本底信息是有效开展相关保护、研究和可持续利用行动的基础。传统上，自然保护地通过定期组织科学考察进行摸底，存在工作效率低、考察成果使用不便、凭证可靠性不足、信息更新困难等问题，难以全面、准确地体现区域生物多样性资源本底，更难以量化体现动态变化，导致大量保护地依然存在资源本底不清的问题，制约了保护水平的提高。

针对这些问题，我们提出“将地球变成活的标本馆”理念，利用信息技术，为国家公园和自然保护地建立了高效率的“自然标本馆”生物多样性资源调查、保存和信息管理方案，内容包括：①将自然野外当成“野外标本馆”，对野外生物多样性进行野外调查、数据采集和空间定位，就地保存；②建立基于网络信息系统的“数字标本馆”，信息化保存和管理生物多样性资源相关物种信息、空间分布和各种资源调查凭证资料，支持本地工作人员和全国专家力量相结合开展物种调查和鉴定、研究协作，提供全面、准确、量化和动态更新的信息服务；③使用传统标本馆、植物园和种质资源库，进行生物资源异地保护和保存；④包括条形码采集号标签、数据采集和植物识别 APP 等在内的野外调查技术方法和工具的开发、应用和人员培训。这套方案自 2009 年开始应用推广，迄今已建立钱江源国家公园、江西际峰国家级自然保护区、福建茫荡山国家级自然保护区、浙江天目山国家级自然保护区、北京百花山国家级自然保护区、广西金花茶国家级自然保护区、海南霸王岭国家级自然保护区等 66 个自然保护地数字标本馆，相关调查凭证照片达到 95 万张，记录物种 8900 种，取得了良好成效。希望将来通过更广泛、系统的应用，助力国家公园和自然保护地生物资源管理实现信息化。

风景资源特色视角下长三角地区自然保护地景观价值识别

刘琪琪

南京林业大学 南京市 210037

QiqiLiu@njfu.edu.cn

在风景资源特色的视角下，对长三角地区自然保护地现状梳理和文献分析，认为在新时代的生态文明建设要求背景下我国自然保护地具有多重珍贵价值，然而现有自然保护地的景观价值识别与整合尚且存在多方面的问题。因此基于上述基础，以经济发达、风景资源丰富且景观名胜众多的长三角地区作为切入点通过定性研究、定量研究等相关理论方法对研究对

象时间维度下的景观演变动态分析、空间维度下的保护地整体性景观特征分析来探讨自然保护区存在的问题。将问题视角与景观价值视角相结合,进行景观价值的重要性评估,进而构建自然保护区景观价值识别框架,通过归纳演绎、比较研究、内容分析等方法,进一步构建了景观价值识别框架中的关键步骤、方法及指标,以此进行长三角地区自然保护区的景观识别。解决的关键问题包括由生态保育到文化认知的价值识别核心、由视觉欣赏到体验感知的价值识别过程、由需求内涵到景观偏好的价值识别内容识别的重点在于如何识别与传承其层积的景观价值。

关键词: 风景资源、自然保护区、景观价值、价值识别

重庆市自然保护区现状及优化整合建议

陈锋^{1,3}, 邓洪平^{2,3}

1.重庆自然博物馆 重庆 北碚 400799;

2.西南大学生命科学学院 重庆 北碚 400715;

3.重庆市野生动植物保护协会 重庆 北碚 400715

fengchen408@163.com

受重庆市林业局委托,课题组 2019-2020 年通过历史资料编目、分析及实地抽样考察,对重庆市 218 个自然保护区进行了调查评估;并根据《关于建立以国家公园为主体的自然保护区体系的指导意见》,按照保护面积不减少、保护强度不降低、保护性质不改变的基本原则进行优化整合,结果如下:1、重庆现有各级各类自然保护区 218 个,其中自然保护区 58 个(国家级 7 个)、森林公园 85 个、风景名胜区 36 个、湿地公园 26 个、地质公园 13 个,去除交叉重叠区域后的面积约 12800 km²,占全市幅员面积的 15.50%。2、重庆市自然保护区存在范围及功能区划定不规范、不科学,交叉重叠严重,一地多管、相互制约、管理不力,原住民较多、民生问题突出,基础设施建设不足、生物资源本底不清等问题。3、优化整合后的自然保护区分为国家公园(国家统筹建设)、自然保护区(国家级、市级)和自然公园(森林生态类、风景名胜类、地质类、湿地类、特定保护植物和特定保护动物 6 种类型),共 208 个,总面积 13361.43 km²,占国土面积 16.21%,较优化整合前增加 0.71%。4、优化整合后自然保护区 37 个,总面积 6009.58 km²,占国土面积 7.29%;森林公园 96 个,总面积 4341.96 km²,占国土面积的 5.27%;风景名胜区 26 个,总面积 1557.20 km²,占国土面积的 1.89%;地质公园 9 个,总面积为 700.56 km²,占国土面积的 0.85%;湿地公园 31 个,总面积为 620.90 km²,占国土面积的 0.13%;特定保护植物类 5 个,面积 109.47 km²,占国土面积的 0.13%;特定保护动物类 4 个,面积 21.76 km²,占国土面积的 0.03%。

关键词: 重庆市;自然保护区;现状;优化整合

自然保护区体系构建下国家森林公园转型发展研究

杨慧新

浙江农林大学 杭州 311300

73771934@qq.com

从 1982 年国务院将国营张家界林场命名为中国第一个国家森林公园至今，国家森林公园已走过 40 年发展历程。截至 2020 年底，我国建设森林公园 3571 处，其中国家森林公园 906 处，在全国范围内形成了相当的规模，有效保护了我国森林资源。

改革开放初期，中国林业发展刚从计划经济体制中走出来，国家森林公园作为国有林场的一种多种经营项目，为发展森林旅游做出探索；1998 年实施天然林保护工程以来，国家森林公园成为林业主体功能转换的一个重要选择，森林公园数量快速增长，森林旅游产业全面推向市场、推向社会，真正把森林旅游产业办成开放式的社会化大产业，转变部门办产业、林场办产业的森林旅游产业发展思路；从“十一五”开始，国家森林公园先后确定为“国家文化和自然遗产地”、“国家禁止开发区域”、“林业自然保护地”、“自然保护地”，并被纳入生态红线管控范围，开启从“旅游目的地”到“自然保护地”的角色转变。多项政策出台为国家森林公园发展提供了重要理论和政策依据，也带来了前所未有的挑战。国家森林公园经历了到“自然保护地”的角色转变后，原可进行旅游开发的区域被纳入生态红线管控范围，只允许开展适量的资源利用，其定位从以森林旅游经济为导向转型为以森林资源保护为导向，转型发展中遇到的问题主要体现在资源保护与利用转型和经营管理转型两方面。但国家政策主要限于宏观把控层面，关于定位转变后保护与利用层级如何界定及如何合理利用森林资源尚不明确，这些问题是森林公园规划师和管理者的棘手难题，同时也是解决转型困难问题的重要抓手。

现有的研究多集中在对森林公园的资源评定层面，对资源评定后如何分级保护与利用的探讨较少，导致规划师、森林公园管理者等相关人员对国家森林公园进行规划时无从下手、把控不准如何保护与利用及保护与利用的程度，造成实施层面困难的现状。因此探究国家森林公园生态环境转型中保护与利用层级界定方法有助于规划师和管理者对森林公园进行合理规划及科学利用。

通过研究对国外森林公园及相关自然保护地保护利用模式进行分析，通过定量分析土地利用数据，对其进行梳理，通过各森林资源类型及资源价值进行数据分析，在此基础上对保护利用模式进行定性分析，划分保护层级。通过问卷调查及半结构式访谈法统计游客对公园需求、评价、偏好等方面数据进行森林公园资源利用研究，探究合理化利用手法，综合各方面因素，兼顾生态、社会、经济效益，探讨国家森林公园转型发展路径，为政策实施提供理论支撑。

关键词：国家森林公园；自然保护地体系；转型发展

专题 10. 国家植物园体系建设与迁地保护（召集人： 杨永平）

国家植物园建设为城市生物多样性提升带来新机遇

胡永红

上海辰山植物园 上海 201602

huyonghong@csnbgsh.cn

生物多样性是持续提高城市生态韧性、积极应对全球气候变化、打造人与自然和谐共生的生态环境、实现绿色可持续发展的重要支撑和保障。但城市生物多样性普遍存在结构简单、稳定性差、同质化等诸多问题。其中植物多样性是城市生物多样性的制约因素之一。例如，城区植物多样性不高、植物群落配置不合理等会导致动物的栖息地和食物不足，无法形成完整的生物链，进而影响整个城市的生物多样性。

传统植物园的研究多集中于植物学、植物资源学、保护生物学等学科，很少涉及对城市生物多样性的研究。城市植物园应抓住国家植物园创建、超大特大城市加快转变发展方式的历史机遇，利用长期积累的大量物种、数据、设施、专业知识和技术，以改善植物生境、构建合理的植物群落为策略，促进植物的全生命周期在城市环境中自然完成，从而增强城市植物对动物的吸引力，带动改善土壤微生物多样性，以此提升城市的生物多样性。

现阶段，城市植物园应积极参与国家植物园体系建设，将城市植物多样性和保护作为重要发展方向之一，提供城市生物多样性调查、城市植物信息共享平台、城市入侵植物名录、植物多样性指数评估、城市特殊生境绿化技术等植物园专业服务，为城市生物多样性的提升提供系统长远的设计，更好地行使生物多样性保护功能。

关键词：城市生物多样性、国家植物园、城市特殊生境绿化技术、植物群落

国家植物园：以迁地保护为重点的使命任务

廖景平

中国科学院华南植物园 广州 510650

liaojp@scbg.ac.cn

历经 500 年甚至更久远的发展历史，现代植物园逐步演进使命、任务和模式多样性。英国最早以国家植物园体系开展全球植物引种驯化、资源传播和经济植物应用发展，法国最早推进以植物园为主体的国家植物保护网络，南非自 20 世纪 60 年代起逐步建立完善国家植物园生物多样性保护、研究和教育功能，巴西建立了覆盖全国植物园的国家植物园生物多样性保护网络。我国国家植物园建设要在“四个坚持”基础上完善“五大功能”，明确面向生物多样性保护优先区域和以迁地保护为重点的国家活植物收集精准定位，充分梳理使命任务区域植物多样性迁地保护现状，优先开展以珍稀濒危野生植物保护为核心的保护性收集，增强区域重点类群研究性收集，协调改善核心种质战略性收集。健全区域受威胁植物和国家重点保

护野生植物迁地保护网络、国家活植物收集迁地保护综合保藏能力,实施更加严格的活植物收集和迁地保护管理规范制度,提升野生来源比例、鉴定查证比例、迁地保护成效和信息记录共享。高水平打造科学研究平台,实施国家重点保护关键物种保护研究计划,建立“苗圃栽培-人工群落-异地种植”实验研究体系,营造关键物种研究性人工群落,开展活植物收集研究和迁地保护基础科学研究,为野外回归、栖息地恢复和种质资源应用研发栽培繁殖技术与规程,推动构建科普教育体系、课程体系与范围更加广泛的技术培训体系,提升园林空间特色,创新园艺展示水平,促进植物资源利用和生态建设与产业服务水平。

深圳国家植物园建设可行性和规划

王晖¹, 徐艳², 张苏州¹, 赵晗², 鲁月秀², 程颖慧¹,

1. 深圳市中国科学院仙湖植物园 深圳 518004

2. 深圳市北林苑景观及建筑规划设计院有限公司 深圳 518055
470778041@qq.com

2021 年 10 月 12 日,习近平总书记在《生物多样性公约》第十五次缔约方大会上宣布,“本着统筹就地保护与迁地保护相结合的原则,启动北京、广州等国家植物园体系建设”。这是以习近平同志为核心的中共中央站在实现中华民族永续发展的战略高度作出的重大决策,是践行习近平生态文明思想的重要举措。2021 年 12 月 28 日和 2022 年 5 月 30 日,国务院正式批复同意在北京、广州分别设立北京国家植物园、华南国家植物园。

深圳是一座国际化创新型城市,高新技术产业发展成为中国的一面旗帜。同时,深圳也是一座绿色之城、生态之城,山河湖海交相辉映,是国家森林城市、中国可持续发展创新示范区和全国首个副省级生态文明建设示范市。深圳的生物多样性丰富,保护基础好。在全国率先开展城市陆域生态调查评估,发布国内首份城市生物多样性白皮书,拥有国家级的苏铁和兰科种质资源保护中心和国家级蕨类种质资源库,还有世界上最大的综合基因库(国家基因库)。深圳市的植物迁地保育机构目前保育世界热带、亚热带地区植物超过 13600 种,在我国植物保育机构中领先。中国农业科学院深圳农业基因组研究所和深圳华大生命科学研究院在植物基因组研究和植物遗传多样性收集上均是领军机构。因此,在深圳建设国家植物园有地理条件和气候、植物收集与迁地保育、科学研究、自然教育、园林园艺展示等多方面的优势。

通过研究我国国家植物园体系建设的背景、定位、内涵和功能,梳理世界各国的国家植物园概况和具有代表性的国家植物园体系的使命和任务目标,考察借鉴北京、广州等地国家植物园建设的经验,理清深圳建设国家植物园的挑战和机遇,分析建设深圳国家植物园在战略定位、地理区位、基础设施、科研实力、科普教育、园林园艺展示等方面优势和弱项,协同联动市、区多个部门及机构,衔接统筹相关规划,提出建设深圳国家植物园的发展方向、任务目标和工作抓手,为深圳国家植物园建设工作的全面开展及植物多样性保育、植物学科研、生态文明的科学传播等核心功能提升提供理论基础和工作方案。

关键词: 国家植物园、深圳市、植物迁地保育、建设优势

国家植物园引种扩繁与迁地保护体系建设的探讨

郁文彬, 景兆鹏, 肖云学

中国科学院西双版纳热带植物园 勐腊 666303

yuwenbin@xtbg.ac.cn

生物多样性是人类赖以生存的条件,是经济社会可持续发展的基础,是生态安全和粮食安全的保障;植物园是统筹就地保护和迁地生物多样性保护的主力军。据统计,目前我国植物园共迁地保护本土植物 288 科、2,911 属、22,104 种,分别占我国本土高等植物科的 91%、属的 86%和物种的 60%。2021 年 10 月 12 日,国家主席习近平在联合国《生物多样性公约》第十五次缔约方大会的领导人峰会上发表主旨讲话时指出:“本着统筹就地保护与迁地保护相结合的原则,启动北京、广州等国家植物园体系建设”。2021 年 12 月 28 日和 2022 年 6 月 6 日,国务院正式批准了建设“北京国家植物园”和“华南国家植物园”,体现了我国国家植物园体系建设进入了稳妥有序的推进阶段。国家植物园的建设将进一步以迁地保护植物多样性为主要目的,承担履行生物多样性保护的国家任务和职能。同时,国家植物园体系建设要针对我国不同气候带和生态系统的重要植物战略资源开展系统的迁地保护与有针对性的回归引种、野生种群恢复重建,系统性地开展生态文明建设与环境教育。本报告以版纳植物园的引种扩繁与迁地保护为例探讨国家植物迁地保护体系建设。

植物园迁地保护新思路

钟鑫, 陈彬, 葛斌杰

上海辰山植物园, 华东野生濒危资源植物保育中心 上海 201602

gebinjie@csnbgsh.cn

就地保护长期以来是物种保育的主要方式,但就地保护本身存在易受干扰、可控性差等缺点,在人类活动频繁的区域,迁地保护得到更多重视。对于现代综合植物园,植物保育工作是最重要的功能之一。目前国内的植物迁地保育还存在信息管理不连贯、组织效率低、理论依据缺乏等缺陷,特别是保护目标和对象不明确,未建立有效的保育评价体系,与就地保护存在重复建设等问题。我们在此尝试利用现代技术,开发迁地保育信息化工具,在重新评估和确定保育对象,建立社区保护动态监测网络以及营造迁地生境方面提供一些新的思路和解决方案。

关键词: 植物园; 迁地保育; 评价体系; 社区保护; 生境营造

基于国家植物多样性迁地保护下的仙湖植物园物种保育现状和发展目标

邱志敬

深圳市中国科学院仙湖植物园 深圳 518004

qiuzhijing@szbg.ac.cn

深圳市中国科学院仙湖植物园成立于 1983 年，位于梧桐山脚下，是集物种保育、园林园艺、科学研究、科普教育等于一体的综合性植物园，目前共收集各类植物 12400 余个分类群。主要是收集来自全球热带、亚热带地区的植物种植资源，收集的优势类群主要有苔藓植物、蕨类植物、药用植物、苏铁类植物、食虫植物、阴生植物等，在苦苣苔科、秋海棠科、木兰科、凤梨科、天南星科等植物类群的收集上处于领先地位。展望未来，仙湖植物园将在热带、亚热带的优势植物类群以及滨海植物等的收集上继续加大力度，使收集的活植物类群达到两万种以上，为我国建设国家植物园体系以及战略生物资源储备贡献力量。

关键词: 深圳市仙湖植物园 迁地保育 现状 目标

红豆杉、珙桐迁地保育技术与示范

李亚利

秦岭国家植物园 周至 710061

chairsh@126.com

通过对舰物种红豆杉、珙桐野外条件下繁殖和更新障碍机理研究，播种、扦插育苗的关键技术研究，以及器官培养、细胞培养、迁地栽培关键技术研究等，解决红豆杉、珙桐迁地保育过程中技术瓶颈，大幅度提高其迁地保育成功率，实现红豆杉、珙桐在秦岭国家植物园成功迁地保育，形成红豆杉、珙桐迁地保育示范园。

传统药用植物的保护和开发利用--以黄芩的次生代谢研究及开发利用为例

赵清

上海辰山植物园 上海 201602

zhaoqing01@sibs.ac.cn

黄芩属 (*Scutellaria*) 植物隶属唇形科，有 350-360 个种，且还不断有新物种发现。它是唇形科中仅次于鼠尾草属 (*Salvia*) 的第二大属。包含黄芩、半枝莲、粘毛黄芩、滇黄芩和侧花黄芩等重要药用植物。辰山植物园对黄芩属植物进行了收集，栽培和科学研究。在黄芩基因组学，次生代谢生物学方面取得了重要的研究进展。黄芩素和汉黄芩素是黄芩中主要

的活性成分,具有多种生物学活性。我们的研究发现了黄芩中存在一条特殊的黄酮合成途径;阐明了黄芩素、汉黄芩素及多种甲氧基黄酮的合成机制,为合成生物学生产提供了工具;完成黄芩全基因组测序,阐明了特异黄酮途径的进化机制,为唇形科植物进化及系统生物学研究奠定基础。

关键词: 黄芩属、药用植物、黄酮、次生代谢

土壤生物与退化生态系统恢复

刘占锋

中国科学院华南植物园 广州 510650

liuzf@scbg.ac.cn

陆地生态系统从生态学功能的角度可以分为地上生产者和地下分解者两个子系统。越来越多的研究表明生态系统的地上和地下部分是密切联系的,并且这种生物学联系在驱动生态系统的结构和功能方面发挥着重要作用,日益成为生态学研究关注的焦点。作为陆地生态系统的分解者,土壤生物群落及其与地上植被的相互作用在驱动分解、土壤养分循环以及土壤结构形成等诸多生态过程方面发挥着重要的作用,并且与植被恢复演替过程中生态系统结构和功能的重建密切相关。土壤生物群落可以通过分解转化有机质和释放植物生长所需的养分来影响地上植被群落的组成和物种更替。地上植被物种功能性状和组成反过来可以影响土壤微生物群落结构及其驱动的生态过程。因此,将“地上-地下生物学联系”的概念与恢复生态学研究整合,不仅有助于从土壤生物群落的角度阐明生态系统演变化与恢复的生态学机理,也可为指导退化生态系统地上-地下的协同恢复提供重要的理论依据。

关键词: 土壤生物群落结构与功能; 植物-土壤相互作用; 退化生态系统恢复

国家植物园应对外来入侵植物的使命与职责

郝强, 崔夏, 张祎, 周达康, 王白冰, 王涛, 王瑞珍

国家植物园(北园)北京 100093

haoqiang@chnbg.cn

国家植物园建设以植物多样性调查研究和保护为主要任务。现阶段外来入侵物种已对我国生物多样性和国家生物安全造成严重影响,调查、分析和研究我国外来入侵植物的引入、扩散和危害机理对维护我国生物多样性具有重要意义。两年来国家植物园科研人员一方面通过开展湿地生态系统外来入侵物种普查试点工作组建研究团队;另一方面通过总结分析我国现阶段外来入侵植物的引入特征和危害决定因素明确了外来植物形成入侵的决定因素。未来将在植物引种驯化过程中添加考量植物的潜在入侵危害性,从源头把控入侵风险;同时外来入侵植物研究团队将对国家植物园区和京津冀地区的外来入侵物种开展长期性定点普查,加深对我国外来入侵植物的扩散机理的认识。我们还将通过公众科学平台建设吸引全社会公众参与到生物多样性保护行动中来,推动生态文明建设、促进人与自然和谐共生发展。

关键词: 国家植物园, 外来入侵植物, 生物多样性, 生态文明

Overview of fern resources in Zhejiang Tiantong National Forest Park

Hasnain Moavia, Runlin Cen, Kaimei Zhang*, Yu Shen

Co-Innovation Center for the Sustainable Forestry in Southern China; College of Biology and the Environment,

Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China

hasnainmoavia@163.com

A typical sample method was adopted to conduct a preliminary survey of ferns in the sample site, and 44 species of ferns were recorded, mainly composed of several large families such as Dryopteridaceae, Athyriaceae, and Thelypteridaceae. The species are shown in Table 1.

Table 1 Main fern species in Zhejiang Tiantong National Forest Park

Number	Scientific name of species	38	<i>Colysis liouii</i>
1	<i>Woodwardia japonica</i>	39	<i>Microlepia modesta</i>
2	<i>Dryopteris erythrosora</i>	40	<i>Dryopteris tsoogii</i>
3	<i>Hicriopteris glauca</i>	41	<i>Cyrtomium confertifolium</i>
4	<i>Pteridium aquilinum</i> var. <i>latiusculum</i>	42	<i>Cyrtomidictyum conjunctum</i>
5	<i>Pteridium aquilinum</i>	43	<i>Dryopteris hwangshanensis</i>
6	<i>Lygodium japonicum</i>	44	<i>Matteuccia orientalis</i>
7	<i>Blechnum orientale</i>		
8	<i>Osmunda japonica</i>		
9	<i>Dicranopteris pedata</i>		
10	<i>Drynaria fortunei</i>		
11	<i>Lycopodium japonicum</i>		
12	<i>Pteris multifida</i>		
13	<i>Selaginella moellendorffii</i>		
14	<i>Onychium japonium</i>		
15	<i>Stenoloma chusanum</i>		
16	<i>Coniogramme japonica</i>		
17	<i>Dryopteris championii</i>		
18	<i>Pyrrosia lingiua</i>		
19	<i>Lepisorus thunbergianus</i>		
20	<i>Hymenophyllum barbatum</i>		
21	<i>Lindsaea orbiculata</i>		
22	<i>Hypolepis Punetata</i>		
23	<i>Crepidomanes tiendongensis</i>		
24	<i>Arachniodes pseudoaristata</i>		
25	<i>Arachniodes tiendong ensis</i>		
26	<i>Cyrtomium balansae</i>		
27	<i>Dryopteris bissetiana</i>		
28	<i>Dryopteris dehuaensis</i>		
29	<i>Dryopteris fuscipes</i>		
30	<i>Dryopteris pacifica</i>		
31	<i>Colysis elliptica</i>		
32	<i>Colysis pothifolia</i>		
33	<i>Parathelyperis glanduligara</i>		
34	<i>Dictyocline wilfordii</i>		
35	<i>Allantodia wichurae</i>		
36	<i>Dryoathyrium okuboanum</i>		
37	<i>Plagiogyria chinensis</i>		

Key words: fern, species, resource overview

专题 11. 基因组时代的生物多样性研究（召集人：周欣）

蝶类性状多样性的演化基因组学研究

张蔚

北京大学生命科学学院蛋白质与植物基因研究国家重点实验室 北京 100871

weizhangvv@pku.edu.cn

生物拟态是适应性演化的特例。一些拟态蝶类具有多样化的蝶翅表型，同时其蝶翅承担复杂的生物学功能，使之成为研究性状多样化的模式。例如：枯叶蛱蝶属和袖蝶属，分别展示叶形伪装拟态和穆氏拟态的翅花纹，并分别经历了渐进式演化和辐射式演化。通过对枯叶蛱蝶属开展研究，我们解析了该属叶形翅花纹表型多样化的遗传机制，即由一个翅发育的工具盒基因调控，并经由长期的平衡选择压力驱动在该属得以维持。而在袖蝶属的研究中，我们发现了一个运动性状相关的基因座在该属中持续显示高分化，该基因座具有复杂的演化历史，是渗入演化的热点区域，其中包含多个与运动有关的基因，并可能与鳞翅目的物种形成有关。上述研究整合了宏观演化和微观演化的研究思路，为理解生物多样性演化提供了新的视角和理论。

关键词：叶形伪装拟态，穆氏拟态，自然选择，多样化

蛇类的起源与演化

李家堂

中国科学院成都生物研究所 成都 610041

lijt@cib.ac.cn

蛇类是爬行纲（Reptilia）有鳞目（Squamata）蛇亚目（Serpentes）下所隶的爬行动物，全球目前约有 3921 种，隶属于 35 科，广泛分布于除南极洲外的各大洲陆地与海洋中。中国蛇类多样性丰富，物种数达 301 种，占全球比重较高。蛇类起源于白垩纪早期，从蜥蜴类爬行动物经历四肢退化逐渐演化而来。蛇类适应能力强，在全球高原、海洋、沙漠、极地中都形成了独特的代表类群，部分类群在骨骼、感官、代谢上发生了重要演变，是研究适应性演化的良好材料。

以蛇类对极端环境适应为切入点，探究温泉蛇对高原以及海蛇对海洋极端环境适应的遗传机制。通过比较基因组学研究发现，温泉蛇 *FEN1* 和 *EPAS1* 的特有突变促进该物种对高原强紫外和低氧等环境的适应；结合物种分布信息、行为学、基因组学以及膜片钳功能实验解析了西藏温泉蛇 *TRPA1* 的特有突变增强该离子通道的热诱导开放性和热敏感性，有利于其更快速找到热源；群体遗传分析表明，西藏温泉蛇可分为东、中、西三大类群，其格局受到冰期历史事件和亚东-谷露裂谷历史地质活动的影响，并与其生活温泉的微环境密切相关。

研究同时解析了海蛇对海洋低氧和高盐等极端条件适应的遗传机制,并探讨其神经毒素的演化。基于高质量银环蛇基因组,解析了银环蛇毒素基因家族的构成并探讨了眼镜蛇科重要毒素成分——三指毒家族的演化。此外,基于表型、基因组和重测序数据解析绿瘦蛇体色多态性的遗传机制,并利用斑马鱼敲降实验验证其分子调控机制。

蛇类处于脊椎动物演化历史的关键节点,已经形成一系列独特的复杂性状,如四肢缺失、脊柱延长、器官不对称发育、视觉和听觉退化、红外感应等,但对其进化遗传机制的解析较少。研究团队开展了蛇类基因组计划,基于大数据的全基因组数据和大量转录组数据,进行大规模比较基因组学和转录组学分析,并通过基因编辑等功能实验进行验证,揭示了蛇类独特的视觉、嗅觉、红外感应、四肢缺失、身体延长和器官不对称发育等一系列复杂性状的进化遗传机制。研究结果为深刻理解蛇类的起源与演化奠定重要基础,为爬行动物乃至脊椎动物的进化发育生物学研究提供了重要科学支撑,也将为人类相关疾病的研究提供重要启示。

遗传解析物种多样性形成与维持机制

童鑫

上海辰山植物园, 华东野生濒危资源植物保育中心 上海 201602

txoinng@163.com

阐明物种多样性形成及维持机制是理解并预测生物多样性分布格局的重要基础。尽管多样性“形成”与“维持”常被连贯使用,但二者在机制上存在有较大区别:前者主要涉及进化、生物地理等过程,而后者则更强调在较小的时间或空间尺度上生态过程对多样性的调节和稳定作用。在分子技术飞速发展的基因组时代,如何运用遗传数据揭示物种多样性形成与维持中的关键过程,成为生物多样性研究的重点问题。

物种形成是产生生物多样性的基本过程,但当前对成种模式尤其是成种过程是否存在基因流仍存在较大争议。基因流存在下的成种假说认为,少数位点的歧化选择能够抵御基因流的匀化作用,并通过搭车效应促进全基因组的分化。基因组岛被认为是支持这一假说的重要证据。然而,除分化搭车外,多种过程也可促进基因组岛形成,但少有实证研究进行全面评估。我们以薜荔(*Ficus pumila*)的 2 个变种为例,通过对薜荔及近缘物种共 303 个样品进行全基因组重测序,系统检验重组率差异、连锁选择以及歧化选择等因素在基因组岛形成中的相对作用。结果表明,基因流存在下的分化搭车是该体系基因组岛形成的主要原因。此外,近缘物种的基因渐渗很可能为基因组岛的分化提供了原材料。本研究可为厘清分化基因组岛背后复杂的形成机制,阐明初期成种过程基因组的景观变化提供思路。

物种多样性维持可能涉及经典生态学方法难以检测的生态过程。以植物群落为例,负密度制约是物种多样性维持的关键机制之一,但动态监测通常局限在幼苗等发育早期阶段,导致难以评估密度效应对成体多样性的贡献。在对相关遗传学方法进行总结的基础上,我们进一步提出通过空间遗传结构检验密度制约型更新的新框架,并应用至一自然种群。结果表明,考虑基因扩散核的零模型可以很好预测种群的空间遗传结构,并推断包括成体更新在内的任意生长阶段的密度制约效应。对动物而言,种群间个体迁移对物种的局域和区域维持都极为重要,但却不易观察。我们以薜荔传粉小蜂(*Wiebesia* spp.)为例,通过种群遗传等方法,揭示源汇动态对竞争劣势物种维持的重要作用,为理解隐存种的共存提供新视角。总体上,借助遗传数据可有效解析一些隐蔽的生态过程,从而加深对生物多样性维持机制的认识。

关键词：成种基因组学，种群遗传，密度制约，源汇动态

环境 DNA 解析城市鱼类多样性分布模式及影响因素

姚蒙^{1,2*} 张姗^{1,2}

¹ 北京大学生态研究中心 北京 100871;

² 北京大学生命科学学院 北京 100871

yaom@pku.edu.cn

随着全球城市化的迅速推进，越来越多的原生栖息地受到人类活动影响和改造，同时由人类引入大量外来物种，极大的改变了生物群落的物种数量和结构。准确监测生物多样性的构成和变化能够及时了解人类对生态环境的影响并进行有效管理。水生生物群落是水生态环境质量的直接反映，但受观测手段的局限，长期以来对城市环境水生物种构成、群落结构、种群动态等了解十分有限。环境 DNA (eDNA) 技术是近年来生物多样性检测领域的新兴方法，它通过检测水、土壤等环境样品中的 DNA 获得生物多样性信息，是一种非损伤性、灵敏度高、简洁高效的生物调查方法。本研究首先从通用引物、采样设计、分析流程等多方面对 eDNA 鱼类多样性检测方法进行了系统优化，继而以北京这一世界超大城市的鱼类为研究对象，开展了覆盖北京地区多种水体类型和城市化梯度的广泛采样分析。对 109 个采样点的鱼类 eDNA 分析显示，北京地区整体鱼类多样性较高 (75 种)，但外来引入物种占比达 31%；动水和静水水体的鱼类 α 和 β 多样性均存在显著差异，静水水体鱼类 α 多样性高于动水，而动水水体鱼类 β 多样性高于静水；鱼类多样性受到环境因素尤其是水质和距城市中心距离的影响，且原生和外来物种对环境因素的响应模式存在差异；水质尤其严重影响原生鱼类多样性，且该效应在静水中更为显著；外来鱼类 eDNA 相对丰度随距城市中心的距离增加而显著提高。本研究结果揭示了城市鱼类多样性分布的复杂模式和主要环境影响因素，提示针对不同类型水体的鱼类保护管理应采取不同方式。此外，本研究为准确全面地应用 eDNA 检测鱼类物种多样性提供可靠技术路线，并展示了 eDNA 方法对城市水生生物调查具有广泛应用前景。

关键词：环境 DNA；城市生态系统；鱼类多样性；外来物种

Expanding the dimensions of diversity from community DNA

Douglas Chesters

Institute of Zoology (IOZ), Chinese Academy of Sciences (CAS), Beijing 100101

dchesters@ioz.ac.cn

Researchers have long been fixated on the derivation of taxonomic diversity from DNA barcodes and metabarcodes sampled from natural communities. However, this is just one of several fundamentally different ways of describing community structure. Functionality in particular is a key facet of biodiversity that explains important features such as ecosystem processes, yet has been largely overlooked in DNA-based community ecology for insects. Here we outline a bioinformatics framework for incorporation of functional traits and diversity into analysis of

community DNA. The framework is applied in a case study of bees, a functionally important group of insect pollinators. In collaboration with PhD student XIE Tingting, we compile an expansive specimen-level database on morphometric traits of Chinese bees, which is combined with information of species life histories. A species-comprehensive phylogeny is constructed which integrates omics data, published sourcetrees and DNA barcodes. Using this large phylogeny we are able to model trait evolution and make predictions for DNA-based entities derived from community DNA. This approach is compared to proposed distance-based methods for DNA based functional trait assignment. We find Bayesian-based trait prediction on the phylogeny to be highly conservative and reliable. However, the rate of successful trait assignments to query sequences was found to depend primarily on the level of comprehensiveness of reference phylogeny and trait data. The work presented here gives the potential to expand the explanatory power of diversity measures of community DNA. Its success depends on filling a major gap in data, that of integrated, databased, functional traits for insects.

DC is focused on the development of bioinformatics frameworks for various applications in ecology and evolution of insects. Of particular interest are frameworks for the construction of species-rich phylogenies integrating DNA barcode, omics, and other datatypes, for the purpose of increasing information content and explanatory power.

利用 eDNA 管理生物多样性：蚂蝗、森林和制度创新

Douglas Yu

中国科学院昆明动物研究所 昆明 650201

douglas@mail.kiz.ac.cn

本人的报告将围绕如何把大规模的 eDNA（环境 DNA）调查与统计模型结合起来，以改善生物多样性的管理，以及我们如何用这种新能力和新技术来对更大范围的保护区管理成效进行评估。近期，本人带领的研究团队以“Measuring Protected-Area Effectiveness using Vertebrate Distributions from Leech iDNA”为题，发表在国际期刊 Nature Communications 上。此次研究是本人做报告的基础，本研究首次利用蚂蝗吸血的脊椎动物血液中的 DNA 进行了一次大规模的尝试，对占地 677 平方公里的哀牢山国家级自然保护区进行了一个全局的脊椎动物多样性的调查。研究表明，云南省哀牢山自然保护区（主要在其核心区域）为具有高保护价值的脊椎动物提供了保护空间。研究结果还展示了保护区由于人类活动（如农业、畜牧）而引发退化的脆弱性。本研究为哀牢山自然保护区建立了基于蚂蝗体内 DNA 的脊椎动物多样性基线，未来的脊椎动物多样性调查可以基于这个基线检测各个物种分布的变化，作为评估自然保护区的效率指标。

基于外显子捕获数据的鲱形目系统发育分析和鲱形目系统 分类重建

李晨虹^{1*}, 王倩^{1,2}, Leyli Purrafee Dizaj³, 黄俊满¹, Kishor Kumar Sarker¹, Charalampos Kevrekidis⁴, Bettina Reichenbacher⁴, Hamid Reza Esmaeili³, Nicolas Straube⁵, Timo Moritz⁶

¹上海海洋大学水产与生命学院, 上海市

鲱形目包括鲱、鳀、鲱和沙丁鱼等具有极高生态和经济价值的物种,但它们的系统发育关系和分类系统一直争论不休。当前鲱形目的分类系统主要基于形态特征且缺少可靠的共有衍征作为依据。最近的形态学和分子系统学研究对鲱形目现有的分类关系都提出了不同的观点,但至今为止未有定论。在本研究中,我们通过靶基因富集鲱形目 66 个物种 4,434 单拷贝核基因的数据。清理后用于分析的数据包含了 1,165 个外显子片段。我们发现:1) 鲱形目确为单系,齿鲱亚目是其它所有鲱形目鱼类的姐妹群;2) 圆腹鲱科不是单系群,小体鲱科最早从鲱亚目分化出来;3) 接着是鳀科分化出来,锯腹鳀科也是单系,但以前定义为“鲱科”不是单系;4) 宝刀鱼和圆腹鲱科的关系更近,而不是与鳀科关系近;5) 巽他银鱼和多棱圆腹鲱科聚在一起;6) 鲱属和其它的“鲱科”鱼类关系较远,而是和 *Sprattus* 和 *Etrumeus* 关系较近;7) 最后分化的是鳊科和西鲱科。根据新的化石证据校正时间树,我们发现鲱形目主要分枝发生于晚白垩纪和早古近纪。白垩纪的灭绝事件可能为鲱形目鱼类的分化创造了新的生态位。基于本研究的结果,我们重新提出了鲱形目鱼类的系统分类,包含 10 个科: Denticipitidae (齿鲱科); Spratelloididae (小体鲱科); Engraulidae (鳀科); Clupeidae (鲱科); Chirocentridae (宝刀鱼科); Dussumieriidae (圆腹鲱科); Pristigasteridae (巨腹鳀科); Ehiravidae (多棱圆腹鲱科); Alosidae (西鲱科); Dorosomatidae (鳊科)。

关键词: 鲱形目, 鲱科, 靶基因富集, 核基因标记, 分化时间, 分类系统重建

蜜蜂肠道微生物多样性的演化机制

李诣远

宁波大学 宁波 315211

liyiyuan@nbu.edu.cn

动物肠道通常含有多样的微生物组成。然而,微生物多样性产生和维持的机制尚不清楚。新物种形成的前提是基因交流的阻断。阻断共生微生物的基因交流可以通过宿主的分化或者同一宿主内生态位分离实现。利用社会性蜂的简单微生物组成,我们探索了两类肠道微生物 *Gilliamella* 和 *Snodgrassella* 的多样性演化过程。*Gilliamella* 和 *Snodgrassella* 与蜜蜂、熊蜂协同演化了超过 8 千万年。我们发现不同蜜蜂物种的肠道中包含过多个 *Gilliamella* 和 *Snodgrassella* 的群体。同一个蜜蜂的不同肠道区域甚至也包含了不同的 *Gilliamella* 群体。这些不同的群体在利用营养物种的能力上也有极大的差异。一些 *Gilliamella* 群体可以帮助蜜蜂降解食物中的多糖。而另一些分布在马氏管附近的群体可以利用蜜蜂排出的含氮废物。我们的研究揭示了宿主蜜蜂的物种分化和宿主肠道内的生态位的分离可以阻断微生物的基因交流,从而促进肠道微生物多样性的产生。

构属 (*Broussonetia*) 植物高质量线粒体基因组组装与比较 基因组学研究

赖婵娟^{1#}, 王杰^{2,4#}, 阚胜龙^{2,4#}, 张硕^{2,4}, 李攀³, 武志强^{2,4*}, 张永华^{1*}

1.温州大学生命与环境科学学院 温州 325035;

2.中国农业科学院深圳农业基因组研究所 (岭南现代农业科学与技术广东省实验室深圳分中心) 深圳 518120;

3.浙江大学生命科学学院 杭州 310058;

4.佛山鲲鹏现代农业研究院 佛山 528200;

(#对研究具有相同的贡献; zhangyehua@wzu.edu.cn, wuzhiqiang@caas.cn)

构属 (*Broussonetia*, Moraceae) 由构树 (*B. papyrifera*)、小构树 (*B. monoica*) 和藤构 (*B. kaempferi*) 三个物种组成, 其树皮所具有的优质纤维可以用来造纸和制作树皮布。同时, 三种植物都具有极高的药用价值和生态价值。但到目前为止, 其完整的线粒体基因组尚未被报道和研究, 这极大地阻碍了人们对它们的分子系统发育学、物种鉴定和进化过程的深入研究。本研究使用 Illumina 和 Oxford Nanopore Technology 测序数据, 基于杂交组装策略, 首次报道了三种构属植物的完整线粒体基因组, 并在其结构、基因含量、共线性、细胞器间基因转移、系统发育和 RNA 编辑方面进行了全面地比较分析。结果表明, 这三个物种的线粒体基因组之间存在较高的异质性。具体表现为: (1) 构树和小构树的线粒体基因组为单环结构, 而藤构的线粒体基因组由一个大环和一个小环组成; (2) 虽然三个物种的线粒体基因组基因含量具有很好的一致性, 但少数转运 RNA (tRNA) 基因存在差异; (3) 在线粒体基因组序列保守性方面, 与构树比, 小构树和藤构含有更多的共线性片段, 并且亲缘关系更近, 这一发现在质体基因组系统发育学的分析中得到了很好的支持; (4) 在 tRNA 基因的潜在介导下, 线粒体基因组整合了来自叶绿体基因组热点区域的水平转移片段; (5) 在不同物种和植物组织之间, RNA 编辑位点存在数量丰度、类型、位置和效率方面的巨大差异。总之, 这 3 个完整的构属植物线粒体基因组, 将为相关的进化研究和理解两种细胞器基因组之间的基因信息交流提供宝贵的遗传资源。

关键词: 构属, 线粒体基因组, 基因组构型, 基因转移, RNA 编辑

Landscape genomics reveals genetic diversity and local adaptation of a desert steppe grass, *Stipa breviflora* Griseb.

Dongqing Yan¹, Yang Ma¹, Jiamei Liu¹, Zhen Zhou¹, Xiaoyan Cao¹, Jianming Niu^{1*}

School of Ecology and Environment, Inner Mongolia University, Hohhot, 010070

jmniu2005@163.com

Investigating the genetic mechanisms of local adaptation is critical to understanding how species

adapt to heterogeneous environments. In the present study, we analyzed restriction site-associated DNA sequencing (RADseq) data in order to explore genetic diversity, genetic structure, genetic differentiation and local adaptation of *Stipa breviflora*. In total, 135 individuals were sequenced and 25,786 polymorphic loci were obtained. We found low genetic diversity ($H_e = 0.1284$) within populations of *S. breviflora*. Four genetic clusters were identified along its distribution range. Mantel test, partial Mantel test, and Multiple Matrix Regression with Randomization (MMRR) support that population differentiation was caused by both geographic distance and environmental factors. By F_{ST} outlier test and environmental association analysis (EAA), 113 candidate loci were identified as putatively adaptive loci. RPK2 and CPRF1, which are associated with meristem maintenance and light responsiveness, respectively, were annotated. To explore the effects of climatic factors on genetic differentiation and local adaptation of *S. breviflora*, 25,786 SNPs and 113 candidate loci were applied to gradient forest (GF) analysis respectively. The results showed that both temperature and precipitation affected the genetic differentiation of *S. breviflora*, and precipitation was strongly related to the local adaptation. Our study provides a theoretical basis for understanding local adaptation of *S. breviflora* and new perspectives for the further resource management and conservation strategies.

药用植物滇白珠复合群的群体遗传学研究

李依容、程晓娟、林彦君、李国红、陆露*

昆明医科大学药学院暨云南省天然药物药理重点实验室 昆明 650500

liyirongkm@outlook.com

滇白珠 *Gaultheria crenulata* Kurz 是我国著名的传统药用植物，广泛分布于中国亚热带地区，被多地少数民族习用。由于它分布广泛，形态变异度较高，被认为是一个分类困难的复合群。我们首先整合形态学、分子系统学和多次实地调查等数据，明确了中国大陆滇白珠复合群的分类问题，将滇白珠变种提升为种，并提出一个新组合：屏边白珠 *G. pingbienensis* comb., 和三个新种：绿春白珠 *G. luchunensis* sp. nov., 无量山白珠 *G. wuliangshanensis* sp. nov., 和莽山白珠 *G. mangshanensis* sp. nov.。其次，为探讨滇白珠的遗传分化格局成因，我们对滇白珠复合群进行了群体遗传学研究，使用两个母系遗传的叶绿体 DNA 片段和两个双亲遗传低拷贝核 DNA 片段和 RAD-seq 数据研究了地理和环境变量对滇白珠种群分化的贡献，并模拟了该物种历史、当前、未来的潜在适应分布地。结果表明，滇白珠复合群内部有相当高的遗传变异水平，此外，还发现了两个种群的核遗传组对应于中国二三级阶梯分隔的两个地理区域，西部群体遗传多样性明显高于东部群体。对叶绿体遗传组数据的分析并没有显示出同样的地理结构，而是以滇中和川南为界分化为两个谱系。cpDNA 和 nDNA 数据的研究结果之间的差异，我们推测滇白珠种群可能经历了长期的地理隔离，然后西部种群在全新世扩张，促进了核基因组的普遍重组。BEAST 分析估算出我国东西区域群体分化事件发生在上新世。本研究在滇白珠复合群中没有发现明显的 IBE 模式，但在西部群体发现有明显的 IBD 模式，可能和中国二级阶梯以西更复杂的地形有关。基因组数据阶段性研究结果显示所有个体中共检测到 5,371,234 个 SNP，Maximum likelihood 算法构建系统发育树，显示出更大的遗传差异。主成分分析结果表明遗传变异的总贡献度占 8.07% ($PC1 = 4.65\%$, $PC2 = 3.42\%$)。综上所述，中国亚热带区域多样化的地形以及过去的气候振荡被认为形成了目前的滇白珠的谱系地理格局，我们的发现进一步突出了中国二三级阶梯分界线在中国亚热带地区植物（灌木）演化和生物多样性的保护中所发挥的重要作用。

黑线姬鼠长江亚种的线粒体基因组及其鼠科系统发育研究

吴迪, 薛捷中, 夏启梁, 孟磊, 周立志

安徽大学 湿地生态保护与修复安徽省重点实验室 合肥 230601
wudi1025136@163.com

姬鼠是田间最常见的小型啮齿动物,也是生物地理学研究和了解环境变化的最佳物种之一,它们的系统发育关系将有助于更好地了解环境变化。线粒体基因组具有结构简单、无重组、母系遗传、结构稳定、进化速度快、拷贝数高等一系列特点被广泛用于生物系统发育的研究。本研究利用 Illumina 测序技术对黑线姬鼠长江亚种的线粒体基因组进行了测序,并利用 ML 和 BI 树对鼠科(Muridae)的线粒体基因组进行了系统发育研究。结果表明,黑线姬鼠长江亚种的线粒体基因组为 16262 bp。基因组包括 13 个蛋白编码基因,22 个 tRNA 基因,2 个 rRNA 基因和 1 段非编码控制区。碱基组成呈现明显的 A-T 偏好性。除 tRNA^{Ser} 和 tRNA^{Lys} 外均能形成典型的三叶草结构。蛋白质编码基因均以 T-和 TAA 作为终止密码子。系统发育分析表明,鼠科有两个主要分支。黑线姬鼠长江亚种与高山姬鼠构成姐妹种。纯化选择可能主导线粒体基因组的进化。本研究结果可为进一步研究鼠科分类学提供新的数据支持。

关键词: 姬鼠, 线粒体基因组, 系统发育

小构树(*Broussonetia monoica*)EST-SSR 标记的开发与验证

赖婵娟, 韩影, 张永华*

温州大学生命与环境科学学院植物生态与进化实验室 温州 325035
chanjuanlai@outlook.com

小构树(*Broussonetia monoica*)隶属于桑科构属,是重要的资源物种;小构树 EST-SSR 分子标记的开发为小构树遗传学研究提供重要的理论与方法支持。采用转录组测序技术对小构树三个时期的花序进行转录组测序,建立小构树的 EST 数据库。利用 CandiSSR 软件从转录组 185,167 条 Unigenes 序列中检测到 8,921 个多态性 SSR 位点。根据缺失率、标准偏差和可转移性初步筛选出 27 个 SSR 位点进行引物有效性验证发现,其中 21 对引物正确扩增出预测大小的片段,有效扩增率为 77.78%。选取全国范围内的 6 个小构树群体共 100 个个体对 21 个 SSR 位点进行多态性验证发现,其中有 3 个位点扩增条带单一,有 18 个位点表现出多态性。这 18 个多态性位点共检测到 136 个等位基因,变化范围为 2-14,平均每个位点有 7.556 个等位基因;*Ho* 和 *He* 各群体的平均变化范围分别为 0.472-0.729 和 0.557-0.627,均值分别为 0.632 和 0.679;*PIC* 值范围为 0.0823-0.8483,均值为 0.6432;有 1 个低度多态性位点 (*PIC*<0.25),有 3 个中度多态性位点 (0.25<*PIC*<0.5),有 14 个高度多态性位点 (*PIC*>0.5)。18 个多态性 EST-SSR 位点在小构树近缘种中进行通用性检验,结果发现:有 15 对引物在构树 (*B. papyrifera*) 中成功扩增,有效扩增率为 83.33%,有 14 对引物在藤构 (*B. kaempferi*) 中成功扩增,有效扩增率为 77.78%。使用 poppr 软件检验位点间的连锁关系,去除有强连锁不平衡关系的位点 CPSSR_7963,利用在 3 个构属植物中通用的 13 对 SSR 位点引物对构属植物进行遗传结构分析,可以明显区分构属 3 个物种。本研究所开发的多态

性 EST-SSR 位点，为今后构属植物分子标记辅助植物资源的开发和利用，种群遗传多样性和物种形成研究提供了新的标记体系。

关键词：小构树；EST-SSR；标记开发；通用性

黄杞属植物质体基因组比较与进化分析

黄悦，金鑫杰^{*}，张永华^{*}

温州大学生命与环境科学学院植物生态与进化实验室 温州 325035

137059123@qq.com

质体在植物细胞中起着至关重要的作用，是光合作用、碳固定及淀粉、氨基酸和脂肪酸合成的重要场所。由于母系单亲遗传和结构高度保守的特点，常用于分析进化过程和系统发育关系。黄杞属 (*Engelhardia*) 植物资源丰富，具有多种多样的药理作用，黄杞叶可做茶饮、茎皮具有良好的降血糖作用。本研究以黄杞 (*E. roxburghiana*)、少叶黄杞 (*E. fenzlii*)、双叶黄杞 (*E. unijuga*) 和海南黄杞 (*E. hainanensis*) 为研究对象，分析其基因组基本特征、基因组比较及系统进化关系。结果表明：(1) 基因组特征分析方面：四个物种都具有典型的四分体结构，基因组大小相似，约为 161kb，总的 GC 含量范围是 35.8~36.0%。串联重复在黄杞属中更为常见，且大多数重复序列集中在非编码区，SSR 类型主要为单核苷酸重复。黄杞属物种密码子第三位碱基偏好以 A 或 U 结尾。(2) 基因组比较分析方面：质体基因组序列的边界差异较小，没有出现较大的区域扩展和收缩现象，本研究中鉴定的五个高变区 *trnK-rps16*、*trnS-trnG*、*trnT-psbD*、*trnF-ndhJ* 和 *accD-psaI* 是黄杞属分化和系统发育分析的潜在分子标记。(3) 系统发育分析表明，4 个种为独立种，其中海南黄杞的分化时间最早，少叶黄杞与双叶黄杞是姊妹种。总体而言，本研究将进一步为黄杞属植物的物种鉴别及资源开发利用等研究提供思路。

关键词：黄杞属；质体基因组；系统发育

药用植物天目地黄 (*Rehmannia chingii*) 线粒体基因组研究

韩影¹，金鑫杰¹，冯彦磊^{2*}，张永华^{1*}

1 温州大学生命与环境科学学院植物生态与进化实验室 温州 325035；2 西湖大学 杭州 310024

1342809536@qq.com

天目地黄 (*Rehmannia chingii*) 是列当科地黄属中一种重要的药用植物，其药用部位根茎具有清热凉血、养阴生津的功效，具有重要的科学研究价值。目前，天目地黄叶绿体基因组相关研究已有文章报道，而其线粒体基因组序列研究匮乏。因此，我们选择天目地黄为实验材料，在对其进行全基因组 Illumina 测序后，通过对测序数据进行 SPADe 从头组装获得了天目地黄线粒体基因组，同时对天目地黄叶绿体和线粒体等两种细胞器基因组进行了比较与共线性分析。本研究发现，天目地黄叶绿体基因组具有高度的结构保守性，而组装结果表明天目地黄线粒体基因组以两个独立的环状 DNA 分子形式存在，且线粒体基因组序列中有

大量的重复序列存在, 约占总序列长度的 31.49%, GC 含量为 44.9%; 天目地黄线粒体基因组一共包含 56 个基因, 包括 35 个蛋白质编码基因 (PCG), 18 个 tRNA 基因和 3 个 rRNA 基因; tRNA 二级结构预测表明, 除了 *trnN-ATT* 外, 大多数 tRNA 都可以折叠成典型的三叶草二级结构; 除此之外, 我们还统计了位于天目地黄线粒体基因组中的蛋白质编码基因的 RNA 编辑事件以及密码子使用情况。共线性分析共获得 39 个共线性区块, 并且分析发现线粒体基因组与叶绿体基因组之间存在基因迁移现象。本研究填补了药用植物天目地黄线粒体基因组研究的空缺, 促进了天目地黄细胞器基因组研究进展, 为植物线粒体基因组学研究提供了线索。

关键词: 线粒体; 药用植物; 基因组

桑科叶绿体比较基因组学研究

周丽娜¹, 赖婵娟¹, 金鑫杰¹, 李攀^{2*}, 张永华^{1*}

1 温州大学生命与环境科学学院植物生态与进化实验室 温州 325035;

2 浙江大学生命科学学院 杭州 310058

1020863736@qq.com

叶绿体基因组具有半自主性和母性遗传特征, 揭示其功能对于研究植物起源、系统进化及物种鉴定、分类具有十分重要的作用。桑科植物具有食用、药用、生态修复及作为工业原料等多种经济用途。目前对于桑科的叶绿体基因组整体系统进化分析研究较少。本研究利用二代测序技术对藤构 (*Broussonetia kaempferi*)、小构树 (*B. monoica*)、构树 (*B. papyrifera*)、厚叶盘花木 (*Dorstenia contrajerva*)、刺桑 (*Taxotrophis ilicifolia*) 和水蛇麻 (*Fatoua villosa*) 等 6 个种进行叶绿体全基因组测序, 并从 NCBI 数据库中收集了另外 31 个代表种 (隶属于桑科的 7 个族 12 个属) 的叶绿体基因组, 分析了上述 37 个物种叶绿体基因的功能、密码子偏好性以及核苷酸多态性, 重建了它们的系统发育关系。研究表明: 桑科中叶绿体基因组最大的是吕宋落叶花桑 (*Allaeanthus luzonicus*), 为 162,594 bp, 叶绿体基因组最小的是蒙桑 (*Morus mongolica*), 为 158,459 bp; 有 27 种桑科植物基因蛋白质编码基因有 88 个, tRNA 有 37 个, rRNA 有 8 个, 10 种桑科植物 *rpl22* 基因缺失和 13 种桑科植物多一个 Ψ *rps19* 的假基因, 刺桑的 *rpl2* 基因只有一个, 出现在反向重复区中 (IRb) 中, 由于叶绿体基因组是环状的, 有部分的 *rpl2* 基因在起始端; 叶绿体基因组的总的 GC 含量范围是 35.3~36.4%, 叶绿体基因组未发生重排, 结构较稳定; 非编码区 (IGS) 的核苷酸多态性显著高于编码区 (CDS); 只有 *ccsA*、*ndhD*、*ndhG*、*ndhK*、*rps2* 基因都经历了正向选择 ($K_a/K_s > 1$), 其他基因都经历纯化选择 ($K_a/K_s < 1$); 在密码子偏好性中, 使用频率最高的氨基酸是亮氨酸占全部氨基酸的 10.67%, 分析出 7 个最优密码子为 UCA、CCU、GCU、UAA、AAU、GAU、UGU; 系统发育树进化选择分析揭示了桑科不同族不同分支受到不同的自然选择作用。上述研究结果为进一步探索桑科物种系统发育关系提供有效信息, 对分子鉴定、系统进化和遗传育种提供一定的参考价值。

关键词: 叶绿体; 基因组; 系统发育

专题 12. 新技术在生物多样性研究中的应用(召集人: 肖治术、苏艳军)

现代生物声学的学科发展趋势与机遇

肖治术¹, 崔建国², 王代平¹, 王志陶³, 罗金红⁴, 谢捷⁵

1 中国科学院动物研究所 北京 100101

2 中国科学院成都生物研究所 成都 610041

3 中国科学院水生生物研究所 武汉 430072

4 华中师范大学生命科学学院 武汉 430079

5 南京师范大学 南京 210016

xiaozs@ioz.ac.cn

现代生物声学是生物学、生态学和声学相结合的一门新型交叉科学, 着重于揭示环境中各类声音在生物之间以及生物与人类、环境之间的相互作用, 为人类认识、保护和利用生物声学资源提供理论基础和解决方案。随着数字录音技术、电子学和微电子学、人工智能、信息科学等跨学科领域的技术革新, 现代生物声学逐渐与生物学、生态学等学科及关联学科之间形成了广泛的交叉前沿领域。通过综合梳理国内外相关文献资料, 结合作者的实践和思考, 本文重点阐述了现代生物声学的概念内容和学科特征, 介绍了动物声学、生态声学、水下生物声学、环境生物声学、保护生物声学、计算生物声学以及现代生物声学研究技术等前沿热点和发展趋势, 评估了中国生物声学研究的学科现状与发展机遇, 并对未来学科建设进行了展望。生物声学研究及其学科建设有助于客观认识和科学利用生物声学资源及相关科学规律, 为生命健康与生物安全、生物声学资源保护利用和生态环境保护提供科学指导和决策依据, 为人类生态文明进步和美丽中国、健康中国建设提供科技支撑与服务。

基于声场景分类模型揭示生物声对人为活动的响应

郝泽周¹, 张承云², 詹海松², 裴男才¹

1 中国林业科学研究院热带林业研究所

2 广州大学电子与通信工程学院

zezhouhao@foxmail.com

通过被动式声学监测方法 (passive acoustic monitoring, PAM) 评估人类活动对生物多样性的影响是城市生态学研究的前沿热点。在自然环境中, 基于“物种丰富度决定声学复杂性”假设, 研究人员可以通过量化生物声多样性评价生物多样性。但在城市环境中, 城市噪声等人为活动的干扰直接导致了声学指数 (acoustic indices) 等常用的声音量化指标对生物声多样性评估的不确定性。为解决这一问题, 我们提出了“声场景分类—声信号量化—响应机制”的研究框架。本研究基于卷积神经网络 (CNN) 构建了声场景分类模型, 完成了城市环境中鸟鸣声、虫鸣声、人工声、鸟虫混合声、鸟人混合声、虫人混合声和空白声等 7 类声学场景的分类。并基于声信号强度的阈值提出了目标声音面积比 (target sound area

ratios, TSAR) 的计算方法, 实现了对各声学场景中目标声音信号的优势度评估。本研究的声学监测数据均来自广州三个典型城市森林(石门国家森林公园、帽峰山森林公园和大夫山森林公园)中的 9 个监测点位。并基于 GEE (google earth engine) 平台解译了监测点位不同缓冲区内的用地性质变化, 用于评估人为干扰程度。声场景分类模型的总体 F1 得分为 0.97, 分类精度为 0.96, 召回率为 0.97, 满足了对声音监测数据的自动化识别与分类需要; 研究发现 200m 半径内的土地利用组成对声场景构成的影响最为显著, 其中包含鸟鸣声的场景对森林类型的响应敏感, 而包含人工声的场景则对城市类型敏感; 通过对比单一生物声场景与生物人工声混合场景发现, 发声生物能够通过改变其鸣声频率来应对人为活动的干扰。应用人工智能等大数据手段可以在海量监测数据中快速准确地挖掘有价值的生物信息, 为分析生物多样性与人类活动之间的关系提供新的研究视角, 同时为城市可持续发展提供重要的科技支撑。

连续录音中的生物声学信号分类: 音节分割与滑动窗

谢捷

南京师范大学 南京 210023

arnoud@163.com

近年来, 伴随着湿地健康的恶化与蛙类多样性的下降, 利用声音传感器采集蛙鸣信号, 并联合蛙鸣自动识别模型监测蛙类多样性正成为新的研究热点。其中, 构建具有高准确率和强鲁棒性的蛙鸣自动识别模型是实现蛙类多样性智能监测的关键。传统的基于鸣叫的蛙鸣自动识别系统包含以下四个步骤: (1)生物声学信号预处理, (2)分割, (3)特征提取, (4)分类。前面步骤的性能对后续步骤的性能有直接影响, 因此, 最终的分类性能受前三个步骤的影响。然而, 生物声学信号分割的性能高度依赖于那些环境记录的背景噪声。在这项研究中, 我们提出了一种端到端的深度学习方法对连续录音中的青蛙物种进行识别。首先, 使用滑动窗口将音频信号分割成帧。然后, 一维卷积神经网络和长短期记忆 (CNN-LSTM) 网络用于从原始音频信号中学习特征, 其中三个卷积层和一个 LSTM 层用于捕获信号的模式。对 23 种澳大利亚青蛙进行分类的实验结果证明了所提出的基于 CNN-LSTM 的方法的有效性。与基于音节分割的青蛙物种分类系统相比, 所提出的基于 CNN-LSTM 的蛙鸣分类方法在各种噪声条件下的识别结果更加稳健。

本工作的主要贡献是: (1) 提出使用 1D CNN-LSTM 的基于滑动窗口的青蛙物种分类方法; (2) 基于音节分割和基于滑动窗口的青蛙叫声分类系统的比较; (3)提出一种自动快速的无监督音节分割阈值判定方法。

长期放牧改变了东北虎豹国家公园夏季声景属性和多样性

孙翊斐 王天明

北京师范大学生命科学学院 北京 100875

skyoss@yeah.net

放牧作为全球最广泛的土地利用类型之一, 是影响动植物群落多样性和生态系统功能的重要生物过程。理解放牧对生物多样性的影响, 能够为长期生物多样性保护政策的制定提供

重要的科学支撑。被动声学监测法 (Passive Acoustic Monitoring, PAM) 能够通过计算多种声学指数 (Acoustic Index) 来反映声景的复杂度和多样性, 已经成为生物多样性评估的重要手段, 可以用来评估放牧产生的影响。然而, 目前仍然对温带森林声景属性如何响应放牧影响缺少了解。本研究使用生物声学的方法, 评估了东北虎豹国家公园中放牧对声学多样性指数产生的影响。本研究采集并分析了总时长超过 7000 小时的音频数据, 并在不同时间尺度上 (24 小时昼夜循环、黎明、白天、黄昏和夜晚) 对比了放牧林和非放牧林中声学复杂度指数 (Acoustic Complexity Index, ACI)、声学多样性指数 (Acoustic Diversity Index, ADI)、声学均匀度指数 (Acoustic Evenness Index, AEI)、生物声学指数 (Bioacoustic Index, BIO)、声学熵 (Acoustic Entropy, H) 和归一化声景差异指数 (Normalized Difference Soundscape Index, NDSI) 等 6 个声学指数的差异。结果显示, 上述 6 个互补的声学指数在不同森林生境中表现出了明显的昼夜变化规律。除了 ADI 和 AEI 外, 其他声学指数在 24 小时昼夜循环上对放牧产生强烈响应。其中, 非放牧林的 ACI 和 NDSI 值更高, 而 BIO 和 H 更低。放牧是驱动昼夜声景声学多样性形成的一个关键因素, 尤其是在夜晚和黎明时段。本研究的结果表明, 在人类主导的温带森林中, 放牧对声景的质量具有显著的负面影响, 这种影响可能是由群落物种组成的变化引起的。本研究认为, 要充分解释声景对大尺度放牧活动的响应, 需要结合多种声学指数进行分析。对今后的森林管理而言, 我们建议使用 PAM 等新技术来对森林景观中的声学群落进行量化, 从而指导当地的生态保护和管理工作, 确保畜牧业和生态系统保护协调发展。

关键词: 声景, 声学指数, 生物声学, 放牧, 东北虎豹国家公园

多技术手段融合在缓解人象冲突问题中的运用

袁盛东, 邓云

中国科学院西双版纳热带植物园 勐腊 666303

yuanshengdong@xtbg.ac.cn

亚洲象是国家一级保护动物, 但亚洲象肇事也是影响亚洲象保护顺利开展难点问题之一。本研究以 2015 年以来西双版纳亚洲象监测预警工作开始试点并推广的发展历程为切入点, 对当地监测预警、应急管理、保险赔偿和食源地建设等多种技术手段在缓解人象冲突问题中运用时的特点及各自难点问题进行了综述。尽管近年的科技进步为亚洲象管理提供了大量可靠的技术手段, 但基于人本身的参与和管理仍在整个系统中不可或缺, 建议未来进一步加强对当地专业人才的培养和投入。

Validating eDNA measurements of the richness and abundance of anurans at a large scale

李文浩

中国科学院动物研究所 北京 100101

liwenhao@ioz.ac.cn

In some situations, environmental DNA (eDNA) metabarcoding is a more accurate tool for

measuring species richness of a taxon than conventional methods. Whether this tool can reliably estimate the abundance of a taxon remains unresolved. We examined the reliability of metabarcoding for measuring anuran diversity compared to a commonly used traditional line transect method (TLTM) through the replicate sampling of three visits across 71 waterbodies (ponds or reservoirs) in Liuheng, China. We also investigated the relative contributions of species-specific characteristics and the physiochemical properties of a waterbody on the relative read count across species and waterbodies. We found that eDNA metabarcoding had a higher detection probability for each of seven anuran species found in the sampling region than TLTM. Furthermore, the relative read count estimated by metabarcoding was positively correlated with the density or relative density of individuals identified with the TLTM across waterbodies for every species. Species-specific characteristics of anurans, such as density, relative density, body mass, biomass and relative biomass, accounted for substantial variations in the read count across species and waterbodies, while physiochemical factors, including pH, temperature, water volume, vegetation and elevation, had little effect on the read count. Our results based on robust sampling suggest that metabarcoding enables more reliable and efficient measurements of anuran occurrence at a large scale during a short-term survey (within 15 days) than that obtained by the TLTM, and offers an alternative tool for quantifications of anuran abundance. Density or biomass is better and more reliable indicator of anuran abundance associated with read count than relative density or relative biomass.

新技术在昆虫多样性发现、监测和刻画中的研发与应用

白明

中国科学院动物研究所 北京 100101

baim@ioz.ac.cn

全球生物多样性呈现衰减的趋势，因此联合国可持续发展目标（Sustainable Development Goals）的第 15 个目标就是遏制陆地生物多样性丧失。由于昆虫具有种类多、数量大、个体小且对环境变化敏感度高的特点，局部地区研究证实昆虫的衰减速度是脊椎动物的 2 倍。然而由于技术能力限制，全球昆虫多样性变化格局和规律尚有待深入开展。报告人团队利用人工智能和大数据赋能，结合新装备研发，针对昆虫多样性发现、监测和刻画三个方面开展研究，通过发起 SITE100 国际大科学计划，探究昆虫形态多样性、物种多样性和遗传多样性的格局与形成机制。

痕迹器官与生物多样性

王烁

华东师范大学生命科学学院 上海 200241

swang@bio.ecnu.edu.cn

新器官的起源是演化生物学关注的热点问题之一，但既有器官的退化关注度相对较低。在选择压降低或消失的情况下，既有器官的退化往往形成痕迹器官。痕迹器官丢失了原有器官的功能，亦有不少痕迹器官获得了新功能并向新的方向演化。通过这种方式，不少痕迹器官的演化过程方向与原有器官截然不同，成为了新表型产生的重要机制之一，通过这种方式

增加表型多样性的例子屡见不鲜。因此，痕迹器官为我们理解表型演化带来了全新的视角。通过对常见的动植物痕迹器官的梳理，探讨器官退化过程在重要生物类群起源和多样化过程中的意义，并介绍了痕迹器官在表型演化与生物多样性研究中的价值。

草地生物多样性遥感监测及其生态应用

赵玉金 白永飞

中国科学院植物研究所 北京 100093

zhaoyj@ibcas.ac.cn

生物多样性监测对于评估全球陆地生态系统保护和生态系统服务至关重要。然而，目前国内外有关植物多样性的遥感监测多以森林为研究对象，草地个体小、小尺度内物种多样且立体结构难以分离，导致草地植物多样性遥感监测相比森林生态系统更为困难。无人机，结合地面调查，辅以高光谱传感器，可实现对高空间、高光谱和高时间分辨率的草地多样性监测，为实现小尺度研究到大尺度监测的无缝链接提供了强有力的技术手段。本报告首先综述了草地生物多样性遥感监测进展，然后分别以单一栽培平台和锡林郭勒盟为研究区，从局地 and 区域尺度探讨了光谱多样性、功能多样性和物种多样性的关系，以及与生态系统功能的关联性。这将加强对生物多样性对生态系统功能影响的理解，并为区域和全球范围内的草原生物多样性保护提供科技支撑。

动物三维生态学：Lidar 技术促进生态学由二维研究到 三维空间的探索

杨海涛¹，付焱文²，任涪^{1,3}，程凯^{1,3}，关宏灿^{1,3}，王毅¹，杨泽坤¹，陈梦玺¹，李文楷⁴，郭庆华^{1,3*}

¹ 北京大学地球与空间科学学院遥感与地理信息系统研究所 北京 100871

² 北京师范大学生命科学学院 北京 100875

³ 北京大学城市与环境学院生态研究中心 北京 100871

⁴ 中山大学地理科学与规划学院 广州 510275

guo.qinghua@pku.edu.cn

遥感科学、地理信息技术和生态信息学的快速发展，为尺度依赖的生物与环境之间相互作用的研究提供了新的发展机遇。以激光雷达（Light detection and ranging, LiDAR）为代表的新兴遥感技术的发展，为快速准确还原动物所处环境的三维结构提供了新的技术支持，将生态学的研究由二维平面推进到三维立体研究，由此产生了“三维生态学（three-dimensional ecology, 3D ecology）”的概念。本文通过文献整理，对陆生环境下通过 LiDAR 在动物生态领域的研究现状进行分析，发现研究更多关注的是垂直方向上的三维信息，这对鸟类、蝙蝠和一些树栖哺乳类有着显著的影响；但是对于无飞行能力的陆生动物而言，水平方向的三维结构对其影响远远超过垂直方向的影响强度，但鲜有研究报道。动物三维生态学应以动物为中心，量化动物对三维环境的感知，提高动物生态学研究的客观性和准确性。尽管目前 LiDAR 在动物生态学的应用较少，但随着 LiDAR 应用成本的降低和基于环境三维信息处理方法的革新，基于真实环境重建，提出以动物行为或适应与真实环境作用过程为出发点的研究理念，促进三维生态学的进一步发展。

生物多样性智慧观测试点小区案例分析

陈龙¹ 全璟纬¹ 宁杨翠¹ 刘春兰¹ 乔青¹ 张起萍² 温银河² 张光曦³ 卞石磊³ 申绪桐⁴

1.北京市生态环境保护科学研究院 北京 100037

2.北京国遥新天地信息技术股份有限公司 北京 100083

3.创视智能科技(南京)有限公司 南京 210038

4.北京华志信科技股份有限公司 北京 100043

bryum@163.com

生物多样性的自动观测技术有助于掌握长时间、大范围生物多样性的状况,对于开展客观评价工作起到技术支撑作用。以北京郊区一处森林型保护区和城区一处湿地公园为案例区,探索构建融合物联网、视频监控、4G 网络传输、人工智能识别等相关技术的生物多样性智慧观测试点小区。布设了高清一体化云台摄像机和无线传输红外触发相机实现物种数据的自动采集,利用 4G 模式实现自动传输,并基于华为 ModelArts 平台布设算法对采集的物种图片、视频片段和视频流进行自动识别。结果表明,自动采集的物种识别精确率均在 60% 以上,其中 20 种在 90% 以上。与专家识别的物种名录相比对,有 10 种未识别到,主要原因包括图片不清晰、训练素材少、相似度较高等,未来仍需针对性增加训练样本,提高识别率。

基于光谱多样性的森林冠层多样性研究

田佳玉

中国科学院西双版纳热带植物园 勐腊 666303

1286929472@qq.com

光谱多样性是一种基于植物反射电磁辐射光谱的生物多样性维度,反映了不同波段光谱反射率在植物种内与种间个体之间的变异程度。由于植物反射光谱特征的差异可以综合地反映植物间生化组分和形态特征的差异,光谱多样性成为植物多样性监测和评估的重要技术手段。无人机遥感技术的发展使得光谱多样性能在多空间尺度实现精细尺度植物多样性的监测与评估,在生物多样性的保护和管理中有广阔的应用前景。群落的光谱多样性与群落的物种组成、物种间功能性状差异存在密切关系,越来越多的研究开始探讨光谱多样性与物种多样性、功能多样性等多重生物多样性维度的关系。本研究从光谱多样性角度出发,以哀牢山 20 个 1 公顷样地作为研究平台,通过森林冠层的无人机高光谱影像,调查样地内的冠层树种多样性,估测以生化成分为主的树种叶片的 13 个功能性状并在物种水平分析驱动冠层光谱变化的主要叶生化成分;使用不同的光谱多样性度量方法计算空间连续的森林冠层光谱多样性,并验证群落水平上光谱多样性与物种多样性及功能性状多样性的关系,探讨光谱多样性维度和其它生物多样性维度间的联系和差异。

关键词: 光学遥感; 高光谱; 近地面遥感; 无人机; 生物多样性

北极花：一款生物多样性快速调查与数据分析软件介绍与评价

胡理乐^{1,2}, 刘长峰³, 杨 映⁴, 李俊清⁵, 张渊媛^{6*}

¹中国科学院沈阳应用生态研究所 沈阳 110016;

²国家林业和草原局林草调查规划院 北京 100013;

³北京青远生态环境有限公司 北京 102206;

⁴甘肃洮河国家级保护区管理局 甘肃定西 730514;

⁵北京林业大学 北京 100083;

⁶北京生物多样性保护研究中心 北京 110000

5flavor@163.com

生物多样性是人类赖以生存和发展的基础。“爱知目标”的落空给全球敲响了警钟。去年 COP15 在中国的召开,《中国的生物多样性保护》白皮书的发布,中办和国办联合印发的《关于进一步加强生物多样性保护的意见》,以及各地正陆续出台《生物多样性保护实施意见》,把我国生物多样性保护工作推向了新的高度。生物多样性调查是生物多样性保护的基础工作,掌握了生物多样性现状等数据才能更科学、更高效地保护生物多样性。

物种多样性是生物多样性中最基础的一个层级,是生物多样性保护工作的核心。我国物种丰富,仅高等植物就有 3 万多种,因此,物种识别是物种多样性调查的第一只“拦路虎”。血上加霜的是分类人才十分缺乏,今年 5.22 国际生物多样性日洪德元院士等 33 名院士专家联名发文警告“分类学者已成为濒危物种”。此外,传统的“纸笔调查方法”费时费力,数理整理入库也耗时。因此,研究生物多样性快速调查方法十分必要。无人机航拍、摄像机监测、红外相机、拍照识物等方法和技术已应用到物种调查与监测中,智能识别物种技术应用越来越广泛,精度得到不断提高。将物种识别与专业调查方法相结合是一种必然的趋势。

本文介绍一款专业免费的生物多样性快速调查软件——北极花(林奈给自己命名的一棵小草)。北极花具有手机 APP 和网页端,手机 APP 具有拍照识物、专业样方与样线调查方法,适用于高等植物、鸟类、哺乳动物、两爬、昆虫和大型真菌等生物;网页端具有数据管理与分析功能,可进行区系分析、生物多样性指数计算与科属统计等数据分析功能,还可以生成“生物多样性监测报告”,辅助撰写自然保护区科学考察报告。下面简介北极花 APP 端的生物多样性快速调查功能。

北极花 APP (V1.2.7) 可在手机软件应用市场下载,具有“调查、速记、数据、地图和我的”5 个模块。“速记”适用于公众,可快速开启调查以记录所发现物种的关键信息;“调查”提供了样方、样线等专业调查表单,适用于植物群落调查、植被调查和物种分布调查。北极花 APP 最大的特点是“快”:物种不认识可以拍照识物,诸多信息可以自动获取或计算,不会写物种名可以开启录音,提供了熟悉的表格界面可进一步提高野外调查效率。此外,用户可以自由设置调查因子,数据本地存储不会外泄,还支持无网调查。面对越来越繁重的生物多样性调查工作,北极花可以提高效率,降低调查门槛,节省工作费用。采用北极花 APP 可以开启一种新的调查模式“公众的腿+专家的脑”,发挥公众的腿力和专家的知识。

地形因子和干扰历史影响下的西双版纳勐仑地区热带森林 林冠高度结构特征

胡源^{1,3} 邓云^{*1,3} 王波² 周荣华² 施国杉¹ 袁盛东^{1,3} 卢华正^{1,3} 林露湘^{1,3}

1 中国科学院西双版纳热带植物园热带森林生态学重点实验室 云南勐腊 666303

2 西双版纳国家级自然保护区勐仑管护所 云南勐腊 666303

3 云南西双版纳森林生态系统国家野外科学观测研究站 云南勐腊 66630

dy@xtbg.org.cn

结构多样性是森林生物多样性的重要维度之一，但目前对导致不同群落类型间林冠高度结构发生变化的驱动因子仍研究较少。本研究以机载激光雷达为主要研究手段，结合 1981 年与 2021 年的灰度影像对比，以多元回归树的方法对云南西双版纳国家级自然保护区勐仑子保护区西片的热带森林林冠高度结构及其与环境因子间关系进行聚类分析。研究结果发现，勐仑子保护区西片森林可根据林冠高度结构差异而分为 7 种主要类型，分别代表热带季节雨林、季风常绿阔叶林、次生林和短期林窗等；潜在辐射强度、海拔、地形垂直曲率、坡度、1981 年和 2021 年影像亮度平均值等是影响林冠高度结构聚类的主要因子。本研究证实近 40 年前的轮歇农业迹地上的林冠高度至今仍呈现出较天然林不同的林冠结构特征，除地形因子外，人为干扰历史同样会影响当代的森林高度结构。

生物多样性数据在推动开放科学和 SDG 目标实现中的案例 分析

许哲平

中国科学院文献情报中心 北京 100190

xuzp@mail.las.ac.cn

2015 年 9 月 25 日联合国大会上，成员国正式通过了 SDG（可持续发展目标）的决议。2021 年 11 月，联合国教科文组织（UNESCO）对外发布了《开放科学建议书》，呼吁科学家和工程师使用开放许可更广泛地共享他们的著作、数据、软件，乃至硬件，进而促进科学合作，推动科学发展。生物多样性领域也在积极利用大数据相关技术来支撑这两个方面的工作，如全球最大的生物多样性数据平台——GBIF 就在 2022 年 11 月在泰国曼谷召开了“亚洲地区开放科学数据和数据使用研讨会”。本报告以引用了 GBIF 数据的文献作为研究素材，分析了 GBIF 数据的领域应用总体情况，并针对 17 个 SDG 目标和开放科学的基础设施要素进行分别整理分析，初步揭示了以 GBIF 为代表的生物多样性数据平台在推动开放科学和 SDG 目标实现中的重点研究和应用领域，并揭示了国家区域间的异同点，为我国未来利用生物多样性大数据开展相关研究和应用提供参考和借鉴。

关键字：生物多样性；大数据；GBIF；SDG；开放科学

基于无人机高光谱遥感的草地退化指示物种的识别—以若尔盖高原高寒草甸为例

刘维鸿

云南大学 昆明 650091

2606904899@qq.com

草地作为人类所需物质的供给库,近年来随着社会经济的快速发展和人口的剧增,草地面临不同程度的退化。草地退化指示物种的识别和量化统计是草地监测的基础,也是当地政府实施草地治理政策的依据。无人机高光谱由于其图谱合一、机动性强、灵活性大、获得的图像具有高空间分辨率和高光谱分辨率的特点,被应用到草地监测中。本文以青藏高原典型泥炭沼泽分布区域若尔盖高原为研究区,以无人机高光谱数据和地物光谱仪实测数据为基础,结合野外调查,通过不同的高光谱指示物种识别方法完成了该区域草地退化指示物种的识别,并通过对比,验证了两种方法的识别精度,并分析了不同退化梯度退化指示物种的差异,为该地区草地退化遥感监测提供科学的依据。本文主要研究结果如下:(1)标准地物光谱数据库的构建。本文通过手持光谱仪在野外的实测,利用 ViewSpecPro 软件,完成了对其平光谱的计算以及后续的一系列处理,最终完成了 12 个样地标准光谱数据的建立。研究表明:相同的退化样地中不同物种的光谱曲线反射率是不相同的,因此可以用基于其光谱曲线的特性将不同的草地物种进行分类。(2)高光谱影像端元提取。本文利用顶点成分分析(VCA)、正交子空间投影(OSP)、连续最大角凸锥(SMACC)三种方法从所获取的 12 个样地高光谱图像上提取了端元光谱。结果表明:在沼泽土、泥炭土、草甸土样地中,当物种数量较多时,顶点成分分析(VCA)对影像上植被端元光谱提取能力较强;当物种数量较少时,三种方法提取能力基本相同。但是对于严重退化的沙化样地中,正交子空间投影(OSP)对于高光谱影像端元提取能力更强。(3)3 种端元光谱匹配技术。本文通过光谱角匹配(SAM)、光谱特征拟合(SFF)、二进制编码(BE)三种光谱匹配方法将影像光谱和光谱库中的光谱进行比对分析,通过加权赋分的方法,最终确定了每幅影像端元光谱的类别。研究表明:在 12 个样地中,三种光谱匹配方法对于草地优势物种赋分结果从高到低依次为二进制编码(BE)>光谱角匹配(SAM)>光谱特征拟合(SFF),二进制编码的光谱匹配方法更适用于该地区。(4)高寒草甸物种识别分类。本文使用了光谱角制图(SAM)和光谱信息散度(SID)两种分类完成了该区域草地物种空间分布图,并对其结果进行了验证。研究表明:从该区域草地优势物种分类精度可以看出,基于完整波形的分类方法分类精度最高,分类精度在 61%-100%之间,总体分类精度在 47.73%-87.5%之间,Kappa 系数在 0.27-0.81 之间。说明光谱角制图(SAM)的分类方法更适用于该地区草地物种的分类识别。

关键词: 高光谱; 指示物种; 端元; 端元识别; 光谱角制图; 光谱信息散度

Remote sensing of tree diversity: the underappreciated role of canopy structure and phenological variation

Yongchao Liu^{1,2}, Ruyun Zhang^{1,2}, Kankan Shang⁴, Mingshui Zhao⁵, Jinggyue Huang^{1,2}, Xiaoning Wang^{1,2}, You Li^{1,2}, Yulin Zeng^{1,2}, Yunpeng Zhao³, Jian Zhang¹, Dingliang Xing^{1,2*}

¹Zhejiang Tiantong Forest Ecosystem National Observation Research Station, School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241

²Institute of Eco-Chongming (IEC), Shanghai 202162

³Systematic & Evolutionary Botany and Biodiversity Group, MOE Key Laboratory of Biosystems Homeostasis & Protection, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 30058

⁴Shanghai Chenshan Plant Science Research Center, Chinese Academy of Science, Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai 201602, China

⁵Tianmushan National Nature Reserve Management Bureau, Hangzhou 311311

* xingdingliang@gmail.com

Tree species diversity is vital for maintaining ecosystem functions, yet our ability to map the distribution of tree diversity is limited due to difficulties in traditional field-based approaches. Recent developments in spaceborne remote sensing provide unprecedented opportunities to map and monitor tree diversity more efficiently. Here we built Partial Least Square Regression models using the readily available multispectral surface reflectance acquired by Sentinel-2 satellites and the field inventory of 74 subtropical forest plots to predict canopy tree diversity in a national natural reserve in eastern China. In particular, we evaluated the underappreciated role of canopy structure and phenological variation in predicting tree diversity by testing three different definitions of canopy trees and comparing models built using satellite imagery of different seasons. Our best models explained 26–63% variation in observed diversities in cross-validation tests, with higher explanation power for diversity indices that are more sensitive to abundant species. The models built using imageries from early spring and late autumn showed consistently better fit than those built using data from other seasons, highlighting the significant role of transitional phenology in remotely sensing of plant diversity. Our results suggested that the cumulative diameter (60–80%) of the biggest trees is a better way to define the canopy layer than the naïve fixed-diameter-threshold (7–11 cm) approach. Remarkably, these approaches resulted in contrasting diversity maps that call attention to canopy structure in future remote sensing of tree diversity. This study demonstrated the potential of mapping and monitoring canopy tree diversity using the Sentinel-2 data and suggested directions of improvement for future practices.

Keywords: multispectral remote sensing, seasonal variation, species diversity, subtropical forests

人类活动对大中型兽类群落结构及夜行性改变的影响

李学友

中国科学院昆明动物研究所 昆明 750223

lixueyou@mail.kiz.ac.cn

在人类世,理解人类活动对受胁野生动物群落结构及行为的影响与生物多样性的有效保护密切相关,然而鲜有研究对比分析不同类型人类活动对哺乳动物物种和功能多样性的影响。本研究基于亚热带山地森林 45 个调查样地的红外相机监测数据,采用多区域群落模型分析长期累积的人类改造(居民点、农业和交通运输等)和实时人类活动(红外相机记录到的狗、人和牲畜)对大中型哺乳动物整体物种多样性、功能多样性以及不同受胁等级物种多样性与占比的影响。研究将红外相机探测到的哺乳动物按食性(功能)分为食肉类、食草类和杂食类,按受胁等级分为濒危、近危和无危,并分析人类活动对各类群夜行性变化的影响。结果表明:整体物种多样性随人类改造的增加而上升($\beta=0.954$),但随实时人类活动的增加而下降($\beta=-1.054$);群落功能多样性(MNTD, $\beta=-0.134$; ses.MNTD, $\beta=-0.397$)、平均体重($\beta=-0.240$)和食肉类占比($\beta=-0.580$)均随人类改造的增加而显著下降;食草类占比随实时人类活动的增强而显著减少($\beta=-0.522$);杂食类占比则随人类改造($\beta=0.378$)和实时人类活动($\beta=0.419$)的增加而显著增加;就不同受胁等级兽类物种丰富度而言,受胁物种丰富度随人类改造指数的增加而显著减少($\beta=-0.167$),非受胁物种丰富度则随着人类改造指数的增加而增加($\beta=0.153$),表明人类活动导致受胁物种不成比例丧失。行为节律分析结果表明,人类改造显著增加杂食类($\beta=12.103$)和食肉类($\beta=9.368$)夜行性水平。研究证实,人类改造和实时人类活动对哺乳动物群落结构及功能的影响存在差别;人类活动会导致哺乳动物功能多样性急剧减少和夜行性行为显著改变。研究强调,仅以整体物种丰富度来评价、识别保护优先区难以保证受胁物种得到有效保护,保护地空间优化及资源配置应重点关注受胁物种占比等关键指标,制定保护计划时应该综合考虑不同类型人类活动对整体物种丰富度、受胁物种丰富度及占比、功能多样性和行为的共同影响。

关键词: 食肉类, 功能多样性, 受胁物种占比, 野生动物夜行性, 群落模型, 红外相机, 西南山地

菠萝新种质创制

周慧晶^{1,2}, 郑珂媛², 闫学彤², 朱木兰^{1,2*}

1 中国科学院分子植物科学卓越创新中心 上海 200032

2 上海辰山植物园 上海 200032

2992664347@QQ.COM

菠萝(*Ananas comosus* (L.) Merr.) 又称凤梨, 原产于巴西等美洲热带地区, 是中国第三大热带水果, 也是世界重要的水果之一, 占全球热带水果产量的四分之一左右, 用途广泛, 具有很高的经济价值。菠萝在离体再生和遗传育种方面的国内外研究相对较多, 但还存在不定芽离体诱导体系繁殖系数偏低、芽苗遗传稳定性差以及因高度杂合和自交不亲和而阻碍新品

种选育等问题。

本研究以‘巴厘’菠萝 (*Ananas* ‘Comte de PARIS’) 为试验材料, 利用秋水仙碱开展倍性育种研究, 以创制菠萝新种质。浓度为 0.2% 的秋水仙碱溶液浸泡 72 h 诱导‘巴厘’菠萝产生四倍体的效果最佳, 共产生 3 株四倍体新种质, 四倍体叶片较挺直、叶片颜色较深、呈草绿色、叶片全缘无刺, 二倍体叶片颜色较浅、呈黄绿色、株形不如四倍体挺直、叶全缘有刺; 四倍体较二倍体叶片加大增厚, 单位面积的气孔数量减少, 气孔大小增加, 表皮细胞排列更加紧密。

专题 13. 岛屿生物地理学（召集人：阎恩荣、斯幸峰）

千岛湖人工陆桥岛屿生态学研究平台

丁平^{1*} 于明坚¹

1. 浙江大学生命科学学院, 浙江杭州 310058

*dingping@zju.edu.cn

生境片段化被认为是导致生物多样性丧失的主要原因之一。水库大坝建设形成的人工陆桥岛屿因其数量众多、边界清晰和形成历史一致等诸多优势,是研究生境片段化问题、岛屿生物地理学和生态学的良好实验平台。浙江千岛湖是 1959 年建成的大型水库,拥有面积 2500 m² 以上的岛屿有 1078 个,成为生态学和生物多样性研究的重要平台。本团队自 2003 年开始在千岛湖岛屿开展生态学与生物多样性研究,并于 2008 年与淳安县生态开发集团有限公司合作在界首岛上建立了千岛湖生态学野外科学观测研究站。至今,本团队已以千岛湖作为研究平台,在国内外学术刊物发表论文 80 多篇,其中包括在 *Nature Ecology and Evolution*、*Biological Reviews*、*Ecology*、*Journal of Ecology*、*Journal of Animal Ecology*、*Ecography*、*Global Ecology and Biogeography* 和 *Frontiers in Ecology and the Environment* 等国际生态学重要学术刊物上以第一作者/通讯作者发表近 50 篇研究论文;承担国家自然科学基金重点项目 2 项、国际合作研究项目 2 项等 30 个项目,国家重点研发计划政府间国际科技创新合作专项 1 项,以及浙江省自然科学基金重大项目 2 项、杰出青年基金 1 项和重点项目 2 项。通过近 20 年的长期监测和研究,千岛湖已成为具有国际影响力独特片段化研究平台。本报告将以千岛湖生境片段化研究平台的发展历程为主线,介绍本团队在千岛湖开展的一系列岛屿生物多样性的研究工作。

关键词: 生境片段化; 岛屿生物地理学; 生物多样性保护; 平台建设

片段化景观多尺度和多维度植物多样性研究

于明坚^{1*}, 胡广², 刘金亮³, 张爱英⁴, 仲磊¹

1. 浙江大学生命科学学院 杭州 310058

2. 浙江理工大学建筑工程学院 杭州 310018

3. 温州大学生命与环境科学学院 温州 325035

4. 中国计量大学生命科学学院 杭州 310018

*fishmj@zju.edu.cn

水库中陆桥岛屿系统及其与周边大陆组成的片段化景观,因岛屿(片段)形成同步且时间短,基质为水且对岛上生物不亲和,边界明显且封闭性强,基本上可以不考虑进化过程、基质和廊道效应等作用,与各类海洋岛屿和陆地生境岛屿相比,是进行生境片段化效应、岛屿生物地理学和群落生态学研究十分理想的“实验性”平台。自 2007 年开始,我们团队通过在千岛湖库区 154 个岛屿进行植物物种调查、在 29 个样岛和 26 个大陆点建立植物群落动态监测样地,在该片段化景观中开展了多尺度和多维度植物多样性格局及其维持机制监测与

研究。

通过对岛屿上木本植物的 α 多样性分析发现, 岛屿面积而不是隔离度显著影响了岛屿上的物种丰富度, 且环境过滤在岛屿种-面积关系的形成中起主要作用; β 多样性分析发现, 由于小岛屿间具有更高的生境异质性, 导致小岛屿间比大岛屿间具有更高的 β 多样性。岛屿上的边缘效应通过影响物种嵌套, 进而增加了岛内不同样点间的 β 多样性。景观尺度上的生境占比则会影响岛屿尺度的物种丰富度, 并导致小岛屿间物种累积速度要快于大岛屿。岛屿上物种丰富度和功能多样性表现出显著的非线性的面积阈值效应, 且资源获取型和资源保存型两个功能群的表现不同。通过对岛屿和邻近大陆样地的对比研究发现, 两者的物种组成存在显著差异, 岛屿样地物种组成主要受局域生境因子影响, 而大陆样地主要受空间变量的影响, 且两种生境中性状-环境关系出现了分化, 而谱系结构仅表现出了微弱的收敛性。生境丧失主要影响岛屿尺度上的物种、功能和谱系多样性, 而生境片段化则会在岛屿和景观尺度上同时对物种组成和相关生态过程造成影响。

关键词: 千岛湖; 陆桥岛屿; 木本植物

水力发电如何影响生物多样性

吉陆森*

南方科技大学 深圳 518055

*biodiversity@sustech.edu.cn

随着世界人口总数的增长, 对环境和资源的压力增加, 绿色能源的发展已成为世界主流趋势。其中, 水力发电作为最重要的绿色能源之一, 对环境的负面影响也最大。为了了解水力发电对生物多样性的破坏及其对栖息地破碎化的影响, 我们课题组设立了“水力发电对顶级掠食者的影响”和“水力发电导致森林破碎化对小型哺乳动物的影响”两个研究课题。第一个课题研究表明, 因建立水电站导致老虎和美洲豹的的栖息地面临不同程度损失。第二个课题通过调查因水坝浸形成的岛群上的物种, 缺乏大型脊椎动物的情况下, 发现存活的物种主宰生态系统, 甚至导致种-面积关系被抵消。由此得出结论: 水电站经常建立于生物多样性高的地区, 因此应更加关注它的可持续发展, 注重其对环境的影响。

关键词: 绿色能源; 种-面积关系; 森林破碎化; 顶级掠食者; 可持续发展

“天空岛”的动物群落构建与维持——以青藏高原为例

何杰坤^{1,*}, 林皓贤¹, 王润玺¹, 戴超¹, 余红印¹, 涂嘉豪¹, 余杰华¹, 江海声^{1,*}

1. 华南师范大学, 广州 510631; 2. 香港大学, 香港 999077

*jjiekunhe@m.scnu.edu.cn; jhs@scnu.edu.cn

“天空岛”(Sky Island)是指被山脉分割或隔离而呈现孤岛状的高海拔环境, 区内具有丰富的生物多样性、特有物种、孑遗种, 以及辐射演化类群。青藏高原是地球的“第三极”和“世界屋脊”, 具有酷寒、干燥和低氧等极端环境, 具有地球上独一无二的“天空岛”生物区系。以往解释青藏高原生物群落的形成与维持机制包括了扩散限制、环境过滤、快速分

化和生态位演化等假说。本研究运用 1,353 种陆生脊椎动物（包括 383 种兽类和 970 种鸟类）的空间分布、系统发育、扩散能力和热生态位等信息探讨了青藏高原动物的群落是否与其形态特征、生态位属性或进化限制相关。以 110km×110km 网格内的动物群落为单位计算各群落的净种间亲缘关系指数，并拟合线性混合模型以探讨青藏高原动物群落结构的分布格局及其内在驱动因素。结果显示，哺乳类主要受耐寒性和扩散能力的筛选，鸟类受耐寒性、扩散能力和生态幅宽度筛选。塑造青藏高原动物群落的主导因子在空间上存在差异，扩散能力和生态位宽幅对喜马拉雅和横断山脉的动物群落具有更强的筛选作用，而耐寒性对羌塘高原动物的筛选作用更突出。哺乳类在羌塘高原和喜马拉雅山脉呈谱系聚集，而鸟类在横断山呈现谱系聚集。这些结果表明，青藏高原动物群落并不是物种的随机组合，而是环境过滤和扩散限制共同作用的结果。然而，这些影响因素的相对贡献在不同的区域和不同的类群间存在差异，反映了生态和进化等因素塑造青藏高原动物群落的复杂过程。本研究在分析动物群落构建的基础上，量化了青藏高原物种出现与否与其扩散能力、气候生态位和进化历史之间的关系，厘清了环境过滤和扩散限制从物种库中筛选青藏高原物种的相对贡献。这些发现为青藏高原及其它山地动物群落的构建机制提供了新的认识。

关键词：群落构建、陆栖脊椎动物、青藏高原，天空岛

恒温动物适应岛屿环境的趋同代谢策略：一种慢生活节奏

侯峻文，张一舟，姚永芳，徐怀亮，姜延志，熊鹰 *

四川农业大学生命科学学院 四川雅安 625099

xiongying_bio@163.com

岛屿具有面积较小、隔离度高与气候温和等特征，是研究生态学、生物地理学与演化生物学的天然实验室。岛屿上的物种在体型、大脑与飞行能力上与大陆物种存在着显著的差异，而这些性状又与能量代谢策略紧密相关。通常代谢与生活史策略共同决定了生活节奏的快慢。但是，迄今为止，鲜有研究报道岛屿物种能量代谢与生活史策略的演化与权衡。在本研究中，我们测量并收集了 2813 种四足脊椎动物的代谢数据，其中包括 695 种变温动物（30 个岛屿物种；4.32%）与 2118 种恒温动物（192 个岛屿物种；9.07%），发现岛屿哺乳类与鸟类倾向于采用一种趋同的代谢策略，表现出较慢的生活节奏。结合系统发育方法与近缘物种配对比较，我们发现生活在岛屿上的恒温动物比其大陆近缘种有更低的相对代谢率，表现为哺乳类与鸟类分别有 53 (vs. 19; 73.61%) 与 91 (vs. 27; 77.12%) 个物种对存在这种现象，而变温动物仅有 16 对 (vs. 14; 53.33%)。这种趋同的代谢策略可能与岛屿物种扩散能力较弱，面临较低的天敌风险有关，同时也意味着岛屿物种抵御快速环境变化与外来物种入侵的能力较低，而面临较高的灭绝风险。

人类干扰背景下的岛屿植物物种多样性研究

刘金亮^{1*}，刘腾腾¹，周园园²，陈怡¹，卢立静²，金鑫杰¹，胡仁勇¹，张永普¹，张永华¹

1. 温州大学生命与环境科学学院 温州 325035

2. 温州生态园，温州 325000

*jinliang.liu@foxmail.com

自岛屿生物地理学平衡理论提出以来,关于岛屿上物种多样性的维持机制,长期以来是岛屿生物地理学和群落生态学的研究热点问题之一。随着人类活动对生物多样性的影响加剧,除岛屿面积和隔离度之外,其他因子,如生境异质性和人类活动强度等,均会对岛屿上的物种多样性产生影响。在此背景下,岛屿上物种多样性的分布格局是否仍然符合岛屿生物地理学平衡理论的预测,以及不同因子对岛屿上物种多样性的相对作用大小如何,仍需进一步研究。通过对浙江省温州市三垟湿地岛屿系统中的 35 个岛屿上的植物群落(木本、草本和藤本植物)作为研究对象,分析岛屿面积和隔离度(MD:距离大陆的最近距离、ND:距离最近岛屿的距离)等岛屿特征因子与物种数之间关系,验证岛屿生物地理学理论;并且结合非生物因子(如岛屿面积、隔离度和生境异质性等)和生物因子(人类活动强度等),分析影响岛屿上植物物种多样性的关键因子及相对作用大小。研究发现,岛屿面积与所有植物、木本、草本和藤本植物的物种数之间均具有显著的正相关关系,与隔离度之间均具有显著的负相关关系,符合岛屿生物地理学平衡理论的预测。岛屿上生境异质性越高,物种多样性也越丰富。但人类活动强度对植物物种多样性的影响,与植物的生长型有关,尤其对于岛屿上草本植物的物种多样性,随人类活动强度的增加而增加。此外,相较于其他因子,生境异质性对于岛屿上总物种数的相对贡献最大,人类活动强度对于岛屿上草本植物物种数的相对贡献最大,而 MD 是影响木本植物和藤本植物物种的最主要的因子。该研究表明,在人类活动的岛屿上岛屿生物地理学平衡理论仍然适用,并且通过考虑不同生长型的植物,有助于理解岛屿上生物多样性的维持机制。

关键词: 岛屿生物地理学理论、物种多样性、种-面积关系、人类活动、生境片段化

Interspecific sociality alters the colonization and extinction rates of birds on subtropical reservoir islands

Ari E. Martínez^{#1+}, Xingfeng Si^{#*2}, Liping Zhou^{1,3}, Di Zeng², Ping Ding⁴, Eben Goodale^{1,5**}

¹ Guangxi Key Laboratory of Forest Ecology and Conservation, College of Forestry, Guangxi University, 100 DaXue Road, Nanning, Guangxi 530004, China

² Zhejiang Zhoushan Archipelago Observation and Research Station, Institute of Eco-Chongming, Zhejiang Tiantong Forest Ecosystem National Observation and Research Station, School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China

³ Kunming Natural History Museum of Zoology, Kunming Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Kunming, Yunnan 650223, China

⁴ MOE Key Laboratory of Biosystems Homeostasis and Protection, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310058, China

⁵ Department of Health and Environmental Sciences, Xi'an Jiaotong-Liverpool University, Suzhou, Jiangsu 215123, China.

[#] These authors contributed equally

⁺ Current address: Department of Biological Sciences, California State University, Long Beach, 1250 Bellflower Boulevard, Long Beach, CA 90840, United States
sixf@des.ecnu.edu.cn; eben.goodale@outlook.com

Island biogeography theory has proven a robust approach to predicting island diversity on the assumption of species equivalency. However, species differ in their grouping behavior and are entangled by complex interactions in island communities, such as competition and mutualism. We here investigated whether intra- and/or interspecific sociality may influence biogeographic

patterns, by affecting movement between islands or persistence on them. We classified bird species in a subtropical reservoir island system into subcommunities based on their propensity to join monospecific and mixed-species flocks. We found that subcommunities that had high propensity to flock interspecifically had higher colonization rates and lower extinction rates over a 10-year period. Intraspecific sociality increased colonization in the same analysis. A phylogenetically-corrected analysis confirmed the importance of interspecific sociality, but not intraspecific sociality. Group-living, could enable higher risk crossings, with greater vigilance also linked to higher foraging efficiency, enabling colonization or long-term persistence on islands. Further, if group members are other species, competition can be minimized. Future studies should investigate different kinds of island systems, considering positive species interactions driven by social behavior as potential drivers of community assembly on islands.

岛屿动物多样性分布与群落构建机制

斯幸峰*

华东师范大学生态与环境科学学院, 上海 200241

*sixf@des.ecnu.edu.cn

岛屿系统因岛屿数量众多、自然隔离和隔离介质均匀等诸多优势,是研究生物地理学和生物多样性保护的“天然实验室”。在本次报告中,我将以鸟类为主要研究类群,介绍我们在浙江千岛湖水库岛屿系统中开展的动物多样性和群落动态长期研究工作,并围绕以下科学问题进行汇报:鸟类多样性如何在片段化的栖息地中分布?水库岛屿上的鸟类群落结构是否遵循经典岛屿生物地理学理论的预测?生境片段化如何影响鸟类群落构建机制?我们的研究表明千岛湖鸟类群落总体上符合岛屿生物地理学理论的预测,而且发现整合物种的功能性状和谱系关系后更能预测岛屿鸟类多样性的分布格局与群落构建机制。此外,我将从水库岛屿系统的研究延伸到海洋岛屿,以检验岛屿动物多样性分布和群落结构是否具有—般性规律。

关键词: 岛屿生物地理学; 生境片段化; 生物多样性保护; 鸟类

岛屿鳞翅目昆虫多样性研究

张爱兵 杨采青 王璞 郑禹轩

首都师范大学生命科学学院 北京 100048

zhangab2008@cnu.edu.cn

生物多样性及其形成机制是进化和生态学领域的重要研究课题。作为陆地生态系统的重要组成部分,植食性昆虫种类繁多、数量庞大、且具有高度的动态性,其多样性及形成机制研究明显滞后于其他生物类群。

本团队以舟山群岛、海南岛鳞翅目昆虫为研究类群,综合运用 DNA 条形码、系统发育分析、转录组测序以及飞行磨等方法初步研究了岛屿天蛾、蝴蝶(凤蝶科、粉蝶科、蛱蝶科等)多样性问题。检测到群落 β -多样性与环境因子之间显著的相关关系,表明舟山天蛾群落的 β -多样性分布格局在很大程度上受到环境因素的影响;构建了舟山天蛾形态与飞行相关参数的非线性模型,发现天蛾群落广泛的陆岛功能分化;检测到物种分布符合关联函数假说和

小岛屿效应的预测,发现确定性过程对整体区域群落的主导作用;检测到 8 组性状显著的系统发育信号,发现中性过程、生境过滤及竞争作用在局域群落构建中的主导作用。结合不同陆、岛分布类型物种的功能性状比较结果,发现岛屿天蛾物种体型更小、飞行能力更强、适应性更强、食性更广泛,表明在舟山地区片段化的生境中,物种会采取与连续景观中不同的生存策略。对中国南部沿海以及越南北部的天蛾科昆虫进行群落调查和系统发育分析的基础上,发现该地区天蛾科昆虫的 α 多样性呈现出沿海高于内陆的分布格局,热点地区鉴定也与印缅生物热点地区东部延伸区域基本吻合。分析了物种形成、灭绝和扩散对热点地区多样性形成的贡献。

通过飞行磨及模拟实验研究中国大陆哪些蛾类具有跨岛扩散的潜力。发现在鳞翅目总科的 7 个总科中,尺蛾总科 (Geometridae) 的飞蛾飞行能力最弱,其特点是 LSF (最长单次飞行) 最短, T_{LSF} (最长单次飞行对应时间) 最短, TDF (总飞行距离) 和最低 V_{TDF} (飞行期间的平均速度)。螟蛾科 Pyralidae (螟蛾总科 Pyraloidea) 在本研究的 12 科 186 个物种中具有最高的飞行耐力,表明,飞行距离 (LSF) 对于物种传播可能比飞行速度更重要。

大陆-岛屿模拟结果表明,当 $P_{(LSF > CD)}$ (LSF 大于大陆与岛屿最近距离的个体占种群个体总数的比例) 小于 0.004,蛾类物种在不依赖气流等外部因素的情况下很难穿越岛屿。在较长时期内,随着飞行能力强的物种的迁入,岛屿更有可能招募飞行能力更强的物种。

片段化景观中苔藓植物多样性格局及其成因

于晶, 李丹丹, 郭水良*

上海师范大学, 上海 200234

*gsg@shnu.edu.cn

苔藓植物是特殊的高等植物类群,配子体占优势,没有维管组织,营养主要来自茎叶体表面吸收,生境专一性强,种群定居与消亡快,远距离传播能力强,部分种类是变水植物。因此,苔藓植物的环境适应特点与机理明显有别于维管植物。为阐明破碎化生境中苔藓植物多样性格局及其维持机制,在舟山群岛和千岛湖岛屿两个区,以苔藓植物为对象,开展了破碎化生境中苔藓植物多样性格局及其环境机制研究。

基于舟山群岛 66 个岛屿苔藓植物分布数据和赤池信息准则,发现有两个面积阈值三个明显不同增长区间的分断回归函数与 Arrhenius 模型 ($S = C \times A^z$, S = 物种数, A = 面积) 有几乎相同的 AIC 值,能很好地描述舟山群岛苔藓植物的种面积关系,明确研究区域的苔藓植物存在小岛屿效应现象,而且该模型具有更加明确的生态学意义。研究结果进一步确认对环境资源要求小、处于隔离程度低的环境中的类群具有较小的小岛屿效应面积阈值;对环境敏感的类群产生小岛屿效应的面积阈值相应的要大。

基于 446 种苔藓植物在 66 个岛屿的分布数据,运用矩阵温度和 NODF 指标评估发现,苔藓植物在舟山群岛存嵌套分布特点,分布的嵌套程度藓类植物高于苔类植物,顶蒴藓类高于侧蒴藓类,而且在主要的科间变化很大;苔藓植物在沿海岛屿的嵌套分布并非由于被动取样造成,而主要是由于生境嵌套和选择性灭绝;部分藓类群的嵌套分布可能与孢子大小相关的选择性定居有关;生境专一性强种类多的类群,嵌套分布程度低,对它们的保护需要涵盖更广的破碎化生境斑块。

基于冗余分布、典范对应分析和广义线性混合效应模型,评估了岛屿形状对苔藓植物多样性的影响。发现当岛屿形状作为唯一的解释变量时,能解释 22.5% 的物种丰富度的变异,偏冗余分析表明,岛屿形状能够独立解释 3.8% 的总的物种丰富度变异,并有 18.7% 的变异由

岛屿形状与其他环境变量共同影响形成；岛屿形状、面积和海拔能够解释 40% 的物种丰富度的变异；苔藓植物的主要类群的物种丰富度均随着岛屿形状不规则程度的增加而提高，岛屿形状对顶蒴藓类物种丰富度的影响程度高于侧蒴藓类。

为阐明亚热带森林景观破碎化过程对苔藓植物多样性的影响，在浙江千岛湖地区调查了 18 个破碎化森林景观斑块（包括 166 个岛屿）的苔藓植物，同时获取破碎化有关的景观参数，包括岛屿数目、平均面积和面积变异系数、总的岛屿周长、岛屿形状及其变异系数，平均海拔和隔离程度。研究发现，生境破碎化过程本身能够独立解释 65.8% 的总的物种丰富度的变异和 47.3% 的物种组成变异；岛屿边缘区域苔藓植物的物种丰富度和发生量极显著地高于岛屿中心区域。生境破碎化过程本身对苔藓植物多样性的影响要强于生境丧失的作用，这可能归因于边缘效应的作用。在一定自然地理区域建设苔藓植物保护区，最好是选择的区域包括众多形态不规则的森林斑块，而且这些斑块大小、形状又以中等程度变异的最为理想。

关键词：苔藓植物；生境破碎化；嵌套格局；小岛屿效应；种面积关系

中国海岛维管植物物种多样性的现状

肖兰^{1,2,3}，陈勇⁴，丰爱平^{2,3}，张琳婷^{2,3}，董标^{2,3}，姜德刚^{2,3}

1. 福建农林大学林学院，福建福州 350000；

2. 自然资源部海岛研究中心，福建平潭 350400；

3. 福建省海岛资源生态监测与保护利用重点实验室；

4. 宁德师范学院，福建宁德 352100

xlecolgy@163.com

在我国管辖海域中，共有海岛 11,000 余个，海岛总面积约占我国陆地面积的 0.8%。长期以来，由于海岛分布零散，多数海岛登岛困难，我国海岛植物资源家底一直尚未摸清，为海岛管理带来诸多不便。为解决这一问题，根据近年来野外考察、标本采集、鉴定和收集的相关研究资料，整理和统计出我国海岛维管植物种类的基本数据。已知全国诸海岛共有维管植物 3788 种(亚种和变种，下同)，隶属 238 科，1477 属，科、属、种数分别约占全国的 75.80%、44.37%、12.08%。与我国大陆丰富的生态系统比较，就相对单纯的海岛生态系统而言，较高的种类百分比说明了我国海岛维管植物种类较为丰富，同时也具有较为丰富的植物物种多样性。经统计分析，我国海岛的维管植物种类中，蕨类植物有 25 科、64 属、158 种，分别占总数的 10.50%、4.33%、4.17%；裸子植物 11 科、33 属、77 种，分别占总数的 4.62%、2.23%、2.03%；被子植物 202 科、1380 属、3553 种，分别占总数的 84.87%、93.43%、93.80%。显然，在维管植物的三个类群中，从植物分类学的种类数量的角度分析，海岛的被子植物的科属种数均有很高的占比，被子植物占有明显的优势，这与相邻陆地生态环境下的状况基本一致，体现了海岛植物种类和植被的陆源性。其中，野生植物占 85.90%，人工栽培的植物占 14.10%，主要分布在有居民海岛上，栽培植物是粮食、蔬菜等经济作物、庭园观赏、行道绿化及防风护堤植物，它们构成了海岛的人工植被。我国海岛的单子叶植物科属种数均约为被子植物的 1/5 左右，再加上双子叶植物草本生活型，我国海岛的草本植物种类较为丰富。鉴于我国海岛纬跨度大，南北海岛的自然条件有很大差异，对海岛的植物种类及数量作分海区的统计分析结果表明：东海区相较北海区（黄、渤海区）、南海区，海岛植物无论在类群数，还是种数上均是最多的，是三大海区海岛中种类最丰富的海区。北海区与东海区种子植物区系的相似度系数为 36.81%，东海区与南海区海岛种子植物属的相似度系数为 65.91%，

反映出两海区植物区系既有独立发展的一面,又存在较为密切的联系,东海区海岛植物种类组成与南海区比较接近,且与北海区已有较大差别。南海区与北海区海岛种子植物属的相似度系数为 24.00%。如此低下的相似度系数反映出两海区植物区系的植物组成已有较大差别。根据“国家重点保护野生植物名录 2021 版”,我国海岛上共有国家重点保护野生植物 155 种,属于我国特有、稀有种的有 54 种。海岛特殊的地理条件为珍稀濒危植物提供了避难所,是生物多样性保护的热点区域。

全球鲸豚类的濒危格局、易灭绝特征和保护对策

陈传武, 陈炳耀*, 王彦平*

南京师范大学生命科学学院, 岛屿生物地理学和保护生物学实验室 南京 210023

chencw@nnu.edu.cn

鲸豚类是哺乳动物中高度特化和最为独特的类群之一,对维持水生生态系统平衡具有重要作用。然而,全球鲸豚类生物资源破坏严重,近三分之一的物种被 IUCN 红色名录评估为受威胁物种。了解全球鲸豚类的濒危灭绝格局和受威胁过程对于保护这一独特生物类群而言十分重要,然而相关的研究却尚存空白。本研究通过收集与鲸豚类濒危灭绝有关的六种内部生态学特征参数、六种环境因素以及两种人类威胁指数,并结合谱系关系和模型平均等方法,首次系统分析了影响全球鲸豚类濒危灭绝的关键因子。研究发现,地理分布范围、海水平均温度和人类威胁指数是所有鲸豚类和齿鲸类灭绝风险的最重要预测因子——地理分布区越小、海水平均温度越高以及受人类影响越大的物种越容易濒危灭绝。有趣的是,体型大小与须鲸类濒危灭绝风险呈正相关,与齿鲸类的濒危灭绝风险呈负相关。因此,这两个类群需要采取不同的保护策略。此外,研究通过将七种主要的人类威胁类型与鲸豚类濒危灭绝风险联系起来,进一步发现全球性的渔业误捕是鲸豚类受威胁物种最主要的威胁因素,其次是航运和生境改变。本研究指出,鲸豚类的保护对策应不同于陆生脊椎动物类群,在制定鲸豚类物种保护策略时,应充分考虑该类群的特定威胁类型和生态学特征。

关键词: 保护对策; 濒危格局; 地理分布区; 鲸豚类; 易灭绝特征

舟山群岛鸟类多样性分布的负目标效应研究

王铎润#, 赵郁豪#, 唐书培, 刘巷序, 李万德, 韩鹏, 曾頔, 杨阳河山, 魏广鹏, 康熠, 斯幸峰*

华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241

812205591@qq.com

岛屿生物地理学平衡理论(The Equilibrium Theory of Island Biogeography)提出的迁入-灭绝动态平衡(colonization-extinction dynamics)认为面积更大、隔离度更低的岛屿生物多样性将会更高。大陆通常被认为是岛屿生物拓殖种群的主要源,因此存在着负的物种数-大陆距离关系。然而主目标岛屿(focal island)邻近的其他岛屿同样可能是潜在的物种源(colonization sources)。本研究进一步假设,邻近岛屿既可以是源,也可以是拓殖目标(colonization targets)。因此,邻近岛屿可以通过吸引主目标岛屿潜在拓殖种群,降低目标岛屿的迁入率,进而减少其生物多样性。我们因此将这种负的物种数-大陆距离关系称之为

负目标效应 (negative target effect)。为了验证这一假设, 我们在中国最大的群岛 (浙江舟山群岛), 选取了面积和隔离度尽可能多样的 42 个岛屿开展鸟类物种调查, 并评估了各个岛屿地理属性 (包括岛屿面积、大陆距离和邻近岛屿相关的隔离度指标) 对鸟类的物种丰富度、功能多样性和系统发育多样性的影响。此外, 我们还比较了不同相对面积阈值下最近大岛距离和不同距离阈值下周边岛屿相对面积对物种丰富度的预测能力, 以探讨邻近岛屿作为源或目标时对岛屿物种丰富度。研究发现, 岛屿面积对物种丰富度、系统发育多样性和功能多样性有正影响, 而大陆距离只对物种丰富度有负影响。岛屿鸟类丰富度随着与最近大岛距离的增加而增加, 说明邻近岛屿表现出了负目标效应, 而非源效应。我们发现负目标效应受到邻近岛屿相对面积的影响。负目标效应的发现表明大陆与目标岛屿之间的其他岛屿不仅仅可以作为物种源或是踏脚石 (stepping stones), 也可能是拓殖目标。这说明在岛屿生物地理学研究中考虑多重岛屿地理属性具有重要意义, 特别是那些有关源效应或目标效应的岛屿属性。

关键词: 目标效应, 岛屿生物地理学, 系统发育多样性, 功能多样性, 舟山群岛

Multiple isolated island refugia other than transoceanic dispersal sharpens the genetic pattern of red nanmu

Kai Jiang^{1,2}, Yong Hong Hu¹, Xiao Yong Chen²

¹Eastern China Conservation Centre for Wild Endangered Plant Resources, Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai 201602, China

²School of Ecological and Environmental Sciences, Zhejiang Tiantong Forest Ecosystem National Observation and Research Station, East China Normal University, Shanghai 200241, China
jiangkai@csnbgsh.cn

Although continental refugia have been studied extensively, the roles of islands as glacial refugia and their effects on current genetic patterns have long been unclear. In the study, we employed the methods of phylogeography and population genetics to study *Machilus thunbergii* (red nanmu), which is widely distributed on the mainland and islands. A total of 1,378 samples from 64 sites were collected on the continent and islands. We employed five chloroplast DNA (cpDNA) fragments and ten nuclear microsatellites (nSSR) markers to study demography and genetic differentiation in *M. thunbergii*. We conduct the mismatch distribution and neutral test based on cpDNA, and Bayesian clustering and Appropriate Bayesian computation (ABC) estimate based on nSSR. Our results showed both cpDNA and nSSR showed sharp genetic differentiation between continent and island populations. Moreover, mainland China, Taiwan island, and the Ryukyu archipelago harbored high cpDNA haplotype diversity, while the Zhoushan archipelago, Kyushu Island, and Honshu Island had only one cpDNA haplotype. Population spatial expand signal can be detected according to the mismatch distribution and neutral test. The nSSR data revealed the substructure within the continent and island. The ABC analysis showed the post-glacial divergence (ca. 14,000 years ago) between continent and island with no gene flow. We elucidated five major refugia in East Asia (two continental, two islands, and one vanished land bridge refugia) may have supported *M. thunbergii* population throughout the Pleistocene climate oscillations. The current distribution pattern of genetic variation in this species strongly reflects its continental, island, and submerged land bridge refugial during the last glacial period and the subsequent fragment and range expansion. Our works supported island and submerged land bridge refugia other than transoceanic dispersal play essential roles in the modern genetic pattern of *M. thunbergii*.

舟山群岛木本植物与土壤动物多样性的分布格局

阎恩荣* 许洛山 李曾燕

华东师范大学生态与环境科学学院 上海 200241

*eryan@des.ecnu.edu.cn

人类土地利用和生物入侵导致全球海岛生物多样性大量丧失,极大地改变了海岛原有的生物群落组成、结构与功能。然而,传统的岛屿生物地理学法则是否仍能有效预测重塑后的生物多样性格局还不明确。本研究以舟山群岛为对象,首先分析了不同面积和隔离度海岛的人类土地利用强度和过去 30 年由松材线虫病引起的松林损失率的变化特征,随后分析了木本植物和土壤动物多样性分别与岛屿面积、岛屿隔离度、土地利用强度和松林损失率的关系。最后,分析了岛内次生林与弃耕地间的土壤动物 β 多样性随岛屿面积和隔离度的关系。结果发现,土地利用强度随海岛面积增加显著增大,表征了强烈的岛屿人类效应。松林损失率随海岛隔离度增大显著增加,反映了明显的岛屿隔离-生物入侵效应。植物物种多样性和功能多样性随海岛面积增大显著增加,随隔离度增加显著减小;随土地利用强度增加而显著增大,随松林损失率增加而显著降低;海岛面积和土地利用强度仅显著增加资源获取型植物的物种多样性,隔离度和松林损失率降低资源获取型和资源保守型植物的物种多样性。次生林凋落层土壤动物 α 多样性随海岛面积增大显著降低,弃耕地凋落层和土层土壤动物 α 多样性随海岛隔离度降低。次生林和弃耕地间土层中的土壤动物 β 多样性随海岛面积增加而增大,其中,周转组分显著升高,但嵌套组分显著降低;次生林和弃耕地间凋落层中的土壤动物 β 多样性与海岛面积和隔离度无显著关系,但随海岛隔离度增大嵌套组分显著升高,周转组分显著降低。以上结果表明,虽然人类土地利用和生物入侵会显著改变海岛地上与地下生物群落的物种功能组成,但由于其变化格局仍受岛屿面积和隔离度所调节,由其作为重要驱动力重塑后的岛屿生物多样性分布仍然服从传统岛屿生物地理学所预测的格局。

关键词: 岛屿生物地理学; 功能性状; 松林消退; 土地转换; 营养级联

生境片段化对不同菌根类型植物多样性的影响

李雪¹, 李添翔¹, 仲磊^{2,3}, 郭静², 于明坚², 刘金亮^{1*}

1. 温州大学生命与环境科学学院 温州 325035;

2. 浙江大学生命科学院 杭州 310058;

3. 乌岩岭国家级自然保护区管理局 泰顺 325500

1779368362@qq.com

理解片段化生境中生物多样性的维持机制,对于生物多样性的保护具有十分重要的意义。菌根真菌与植物之间的相互作用是植物适应环境的主要策略之一,然而,对于生境片段化如何影响不同菌根类型植物多样性尚缺乏普遍理解。本研究选取浙江省千岛湖库区内 11 个岛屿,通过调查岛屿上的丛枝菌根(AM)植物和外生菌根(ECM)植物的物种多样性,包括岛屿上的物种数、物种密度和个体密度等,利用广义线性模型等方法,分析岛屿特征(岛屿面积、隔离度)对 AM 和 ECM 植物物种多样性的影响,以及岛屿边缘和内部生境间 AM 和 ECM 植物的物种密度和个体密度的差异。此外,利用方差分解等方法,分析非生物(如样

方坡度、样方土壤容重、土壤磷含量和土壤 pH 等)和生物因子(AM 和 ECM 菌根真菌物种密度和个体密度)对 AM 和 ECM 植物的物种密度和个体密度的影响,以及不同生态因子对岛屿上物种多样性的相对贡献度。结果发现,岛屿面积,并非隔离度,显著影响 AM 植物的多样性,但岛屿面积和隔离度均对 ECM 植物的物种多样性无显著影响。非生物因子(如凋落物层厚度、总磷等)和生物因子(即 AM 菌根真菌的多样性)显著影响 AM 植物的物种密度和个体密度;同时,非生物因子和生物因子对 AM 植物的物种密度(58%)和个体密度(52%)的解释程度显著高于 ECM 植物(不到 20%)。此外,与 ECM 植物相比,AM 植物的物种密度和个体密度在内部生境均高于边缘生境。研究结果表明,受环境过滤的影响,AM 植物比 ECM 植物更容易受到生境片段化的影响。该结果说明了解植物和菌根真菌之间的共生关系对于理解片段化生境中生物多样性的维持机制具有重要的作用。

植食作用显著影响片段化生境中植物群落的建立过程

李添翔¹, 李雪¹, 吴初平², 钟毓萍³, 于明坚³, 刘金亮^{1*}

1.温州大学生命与环境科学学院 温州 325035;

2.浙江省林业科学研究院 杭州 310023;

3.浙江大学生命科学学院 杭州 310058

3163994602@qq.com

研究片段化生境中植物群落的构建机制,亟需明确片段化生境中环境因素对植物群落更新的影响。片段化生境中,非生物因素(如环境过滤)和生物因素(如地下根系竞争、地上种子捕食和幼苗植食)等环境因素均会影响植物群落的建立,虽然种子萌发和幼苗存活是植物群落建立的关键起始阶段,但关于片段化生境中植物群落建立的起始阶段如何受到生物因素和非生物因素的影响,尚存在争论。本研究选择千岛湖陆桥岛屿系统中的 11 个岛屿,在岛屿上进行排除根系竞争和排除植食(包括种子捕食和幼苗植食)的控制实验,并选择樟(*C. camphora*)、青冈(*C. glauca*)、欆木(*L. chinense*)和木荷(*S. superba*)4 种具有不同耐阴性、种子大小和优势度的木本植物为实验对象。通过在不同岛屿上的边缘和内部设置样方,设置排除根系竞争、排除植食和空白对照三种处理的原位实验装置,分析不同物种在幼苗建立初期的生长和存活情况与环境因素(根系竞争、植食等生物因子和岛屿面积、样方土壤深度、土壤容重、土壤含水量等非生物因子)的关系。研究发现,欆木作为岛屿上的优势物种幼苗成活率最高。但不同物种受到环境因素的限制作用各不相同,樟、青冈和欆木三个物种在排除植食处理后其幼苗成活率显著高于排除根系和对照两组处理。此外,耐阴植物(青冈和木荷)的存活率与岛屿面积之间存在负相关关系,欆木的存活率与所处样方的土壤容重和土壤含水量之间存在显著的正相关性。与其他物种相比,岛屿上木荷的存活率最低,且受到环境因子限制的可能性较小,可能与其种子体积较小有关。上述结果表明,在片段化生境中,岛屿上稀有种的幼苗比优势种建立更为困难,且岛屿上植物群落的建立主要受到种子捕食和植食作用的限制。该结论也进一步揭示了片段化生境中影响植物群落更新的主要因子及其对植被恢复的意义。

关键词: 幼苗建立, 根系竞争, 植食, 岛屿, 片段化生境



中国科学院生物多样性委员会



华东师范大学生态与环境科学学院

封面动物（从右到左）：白鹭—王军馥拍摄 | 小天鹅—郑运祥拍摄 | 苍鹭—王军馥拍摄