

濒危物种保护方法研究进展

何友均¹, 李 忠², 崔国发¹, 魏文超¹, 冯宗炜^{3*}

(1. 北京林业大学资源与环境学院, 北京 100083; 2. 国家林业局保护处, 北京 100714; 3. 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085)

摘要:对濒危物种的科学内涵、濒危机制和物种保护方法进行综述。具体阐述了种群生存力分析(PVA)技术和复合种群理论(Meta-population)在濒危物种保护中的应用;总结了分子生物学方法在濒危物种保护中的作用;探讨了“3S”技术在濒危物种保护中的应用前景。分析和评价了各种保护方法的实用性和局限性,提出了各种保护方法在濒危物种保护中的应用前景和发展趋势。总之,物种保护方法的不断发展开创了保护生物学研究的新篇章,怎样运用交叉学科理论和综合应用各种保护方法探讨物种濒危机制、制定濒危物种有效管理和保护措施,是需要进一步解决的科学问题。

关键词:濒危物种;种群生存力;复合种群;分子生物学;“3S”技术

Advances in conservation methods of endangered species

HE You-Jun¹, LI Zhong², CUI Guo-Fa¹, WEI Wen-Chao¹, FENG Zong-Wei^{3*} (1. College of Resources and Environment, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 2. Department of Protection, State Forestry Administration, Beijing 100714, China; 3. Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24 (2): 338~346.

Abstract: It is a great challenge for human beings to protect endangered species. The concepts, endangering mechanism and conservation methods of endangered species have been reviewed in this paper, which includes: application of population viability analysis and meta-population theory on species conservation; contribution of molecular biology technology to protect endangered species; perspectives on Remote Sensing, Geographical Information System and Global Position System in safeguarding endangered species. In addition, the effectiveness and possibility of conservation technology, as well as their limitations and future development have been discussed.

Population viability analysis (PVA) provides a quantitative method for predicting the probability of extinction and prioritizing conservation needs. PVA takes into account the combined impacts of stochastic factors (demographic, environmental and genetic stochasticity) and deterministic factors (habitat loss, over exploitation). Its goal is to establish a minimum viable population (MVP), predict population dynamics, make conservation management program and evaluate its strategies. However, it is difficult to measure small-population parameters which need to be used in PVA models. So, measuring population parameters and environment information is an imperative task of ecologists, identifying variables which affect the predictive power of PVA is extremely important, developing more spatially models and normative PVA datum is also an urgent task of biologists and modeler. Furthermore, PVAs should develop models which include multi-species and various factors, and search objective species which belong to different taxa or geographical distribution among the same taxa in order to simulate endangered species parameters.

The meta-population theory is a useful tool for endangered species conservation and the theory mainly focuses on the dynamic of individual migration among local and regional populations and conditions of species persistence. The meta-population spatially model which contains patch quality and spatial information has great potential to predict population

基金项目:“十五”国家攻关资助项目(2001BA510B10-03)

收稿日期:2003-06-10; **修订日期:**2003-11-04

作者简介:何友均(1976~),男,湖北恩施人,博士生。主要从事生物多样性保护和地理信息系统研究工作。E-mail: heyounjun6@sohu.com

* **通讯作者** Author for correspondence, E-mail: Fengzw@mail.reces.ac.cn

Foundation item: The national advanced project of the tenth five-year plan (No. 2001BA510B10-03)

Received date: 2003-06-10; **Accepted date:** 2003-11-04

Biography: HE You Jun, Ph. D. candidate, main research field: biodiversity conservation and GIS. E-mail: heyounjun6@sohu.com

dynamic, select available numbers of nature reserves, gain optimal natural enemies for controlling pest. The theory of meta-population predicting models, however, have some limitations, therefore, it is suggested that further research should be to perfect meta-population theory, establish spatially structured meta-population predicting models, discuss genetics and evolutionary process of meta-population.

Molecular biology technology overcomes the disadvantages of long-duration field studies and difficulties in the control of experimental conditions in traditional ecology research. Molecular markers are essential tools to analyze population bottleneck effects, confirm evolutionarily significant units (ESU) for deciding the priority of species conservation, study phylogeographic patterns, anticipate meta-population dynamics and judge the relationship of relatives. With the development of molecular biology, some problems of conservation biology will be resolved. However, molecular biological methods still need to be improved. The future development of molecular biology should emphasize studies based on multiple molecular marker systems and focus on improving molecular biology experimental stability.

“3S” technology provides an advanced tool for biodiversity conservation in the world. But it is difficult to integrate RS, GIS and GPS into one whole system for species protection. The future research should develop a “3S” technology system combined with an expert system (ES), a decision making system (DMS) and an information management system (IMS) for monitoring biodiversity dynamics, predicting population dynamic and geographical distribution, searching for the causes of species loss and designing conservation program.

In conclusion, more and more advanced methods of species conservation will be used for conservation biology study. In the future, we should emphasize the importance of multi-discipline theory and cross-technology in endangered species conservation.

Key words: endangered species; population viability analysis; meta-population; molecular biology; “3S” technology

文章编号: 1000-0933(2004)02-0338-09 **中图分类号:** Q14, Q16 **文献标识码:** A

30 多亿年前,地球上开始出现生命,经过地质时期的变迁,各种生命形成了丰富多彩的生物多样性。然而,随着人口的增加,经济活动的不断加剧,生物多样性正在急剧下降,特别是在生物多样性比较丰富的热带、亚热带发展中国家,由于人口的恶性膨胀与经济的失调发展,生态系统更是遭到了严重破坏,大量物种已经灭绝或处于灭绝边缘^[1,2]。目前,物种保护特别是濒危物种保护成了国际社会关注的热点,世界各国相继制定了一系列物种保护的法律法规,在濒危物种分布比较集中的地区和生态系统的关键地区,以及“生物多样性分布的热点地区”建立了自然保护区,用以保护生物资源和赖以生存的环境^[3]。生态学家、保护生物学家和遗传学家分别从不同角度探讨了物种濒危机制和保护策略,并且从理论和实践上研究了物种的保护方法。但是,很少有人将多学科形成的理论综合运用,从而导致研究结论不够全面,甚至是错误的结论,一旦这些结论运用到实践中,有时会带来灾难性后果。因此,运用多学科理论和先进的保护技术探讨物种濒危机制和制定保护措施是当前有待解决的科学问题。本文主要根据国内外有关濒危物种保护文献,从生态学、分子生物学、保护遗传学、空间理论等角度综述了濒危物种保护方法研究进展,以期这篇综述能为我国濒危物种保护研究和实践提供一定的参考。

1 濒危物种的内涵及其濒危机制

濒危物种的概念与其划分的标准有关系,是物种受威胁程度的相对描述,在不同的空间和时间尺度上,同一个物种可属于不同的濒危类型。但从根本上说,濒危物种是指在短时间内灭绝率较高的物种,种群数量已达到存活极限,其种群大小进一步减小将导致物种灭绝。这里有两层含义,第一,种群小,或者数量有限;第二是野外数量不增。对野外数量不增的种群,可能意味着数量平衡,也可能意味着种群下降,如果这样的种又是指小种群,则可称之为濒危物种^[4]。

在探讨物种濒危机制方面,科学家从遗传学、种群生态学、生理生态学和群落生态学等角度作了大量研究工作^[5~8],并取得了许多研究成果,归纳起来与 Diamond^[9]总结的物种灭绝因素基本一致,主要包括以下 4 方面:(1)次生灭绝。(2)栖息地破坏和破碎改变生境和栖息地的物理和化学环境^[10,11]。(3)引进种和生物入侵的危害。(4)经济利益驱动导致过度捕杀。

2 濒危物种保护方法

2.1 种群生存力分析法(PVA)

种群生存力研究的思想起源很久,早期,保护主义者为了保护生物多样性和物种赖以生存的环境,提出了至今都很有效的建立圈地或自然保护区的方法,但是随着土地利用和覆盖、全球气候变化以及人类的破坏,土地面积日益缩小,人们开始探索生态系统中的最小生存力的条件,解决生存力最小条件的方法包括最小有效面积法和最小种群大小确定法等^[12,13]。20 世纪 80 年代以前,种群生存力主要研究种群在短期内的存活问题;80 年代以后,生态学家开始研究物种长期生存以及影响物种长期生存的外界干扰、遗传漂变等生物学问题,且研究对象主要集中在脊椎动物,尤其是哺乳动物和鸟类;进入 20 世纪 90 年代,研究对

象已扩展到无脊椎动物、昆虫和植物等各个领域^[14],据统计,在这段时间内,国际上发表的相关文章成指数增长^[15]。由于经济活动的加剧正在对生态环境产生危害,特别是近年来,随着人口增加和生境退化,生物多样性遭到了严重破坏,于是一门新的学科——《保护生物学》得到了蓬勃发展,PVA 也成了研究濒危物种保护的主要手段^[16,17]。

种群生存力分析法(PVA)可通过建模预测珍稀濒危物种的种群动态。一般而言,珍稀濒危物种都是小种群^[4]。对于小种群的 PVA 分析,常用的是分析模型和模拟模型。分析模型就各种随机干扰对小种群的作用进行了描述,例如 Goodman 模型描述了种群统计和环境随机性对种群平均绝灭时间的影响^[18],Evens 等的灾害模型描述了灾害与绝灭时间概率分布的关系^[19],这些分析模型只是对单个随机影响因子对物种的生存力进行了描述,而没有综合多种随机因素对物种的影响。由于分析模型基于大量的简化假设而在实际应用中遇到了许多困难,故模拟模型被认为是 PVA 研究中很有价值的方法^[20]。旋涡模型(VORTEX)就是一种模拟模型,由于该模型已成为 PVA 研究的一个软件,比较容易被物种管理者掌握和接受,实用性较强而被普遍采用。这种模型通常需要以下定量或定性的参数:是否有近亲衰退、自然灾害、种群的扩散迁移情况、种群繁殖参数、模拟重复次数、预测的年代数、环境容纳量、物种开始时的数量等。Susan^[21]等人通过旋涡模型模拟了美国南卡罗来纳州塞维纳河的红头啄木鸟(*Melanerpes erythrocephalus*)小种群。研究结果表明,在 1985 年到 1990 年 5a 时间内,该地区啄木鸟种群只增加到 25 只,年龄结构反映出种群是个增长种群,增长率 $r=0.045$ 。同时遗传基因的变化对种群影响也很大;低的或中度的环境对种群的产卵率影响不大,当把自然灾害程度模拟程度加重时,种群灭绝速率加快,预计在 200a 后平均种群大小和杂合子比率都下降。

PVA 研究物种绝灭问题,其目标是制定最小存活种群(MVP)和种群在一定时间内的灭绝概率,将绝灭减少到可接受的水平^[22]。MVP 大小能决定遗传异质的损失速率,因此,确定 MVP 对防止近亲繁殖和保持遗传多样性有一定意义。MVP 最初研究认为 50 和 500 是两个神秘数字^[23],把短期存活的有效种群定为不得低于 50,而把长期存活的有效种群数量定为不得低于 500。然而后来研究表明,由于不同物种所处的环境不同、遗传特性和种群特性不同,以及所受生境胁迫不一样,故 MVP 值也不一样,其存活期限和存活概率标准也不尽相同^[15]。根据不同物种的内在特性和外界胁迫不同,存活概率标准可以是 50%,95%或 99%,保持遗传多样性的标准也可以是 90%,95%或是更高,而存活时间可以是 50、100 或 1000a^[24]。已经有研究表明,对于那些已经被深入研究的物种,用 PVA 方法进行灭绝风险的预测是可信的^[25,26],因为 PVA 能够考虑随机因素(人口随机性、环境随机性和基因随机性)和确定因素(如生境减少和过度开发)的综合影响^[27],也有人建议不用 PVA 对最小有效种群进行预测^[28],但他们并没有给出让人心服的理由来支持这种观点。由于用于制定物种保护计划的资源相当有限,行政和管理部门不可能在做决策之前对每一特定物种进行评估,因此,对最小种群大小和生境的有效面积进行科学评估是十分必要的,只有这样,决策部门才能对时间、资金和生境大小进行合理分配。Reed D H 等应用 PVA 模型对 102 种脊椎动物的最小有效种群进行了研究,结果表明,MVP 的均值和中值分别是 7316 和 5816,MVP 与种群增长率成负相关,与参数化模型的研究长度成正相关,得出的结论是需要保护至少维持 7000 个脊椎动物的生境才能维持其持续发展^[29]。

另外,PVA 还可用来确定自然保护区的形状和面积大小^[30],评价物种的管理措施能否最大限度的提高种群生存力,在这方面,已经有人做了大量研究工作^[31,32],结果表明 PVA 对物种的有效管理和评价非常有效,为科学管理珍稀濒危物种提供了依据。PVA 还可分析各种因素对物种灭绝的影响和物种存活的条件,故可为物种受威胁等级和提出具体的保护措施提供理论依据^[33]。

2.2 复合种群理论在物种保护中的应用

复合种群理论源于空间生态学的思想,人们认识到研究物种需要特别重视种群在空间上的动态和相互作用规律,而空间上的分布主要由种群斑块状的分布格局和动态反映,其实,这种思想在 20 世纪 50 年代就出现了。1954 年 Andrewartha 和 Birch 在《动物的分布和丰富度》一文中提出自然种群的空间分布就是占据斑块状的生境,并且不断地转换栖息地^[34]。Ehrlich P. R. 也发现了这种栖息地不断转换的现象,还讨论了控制种群扩散的内部机制^[35]。1970 年,Levin 用 Metapopulation 来表示有灭绝可能的一组同种种群的斑块状分布模式^[36],但是,Levin 的复合种群是一个理想状态下的种群,在现实中要想找到这样的种群是不可能的,后来,Levin 复合种群理论及模型得到了不断修正和完善。1980 年以后,人类干预而造成的生境破碎化引起了保护生物学家的极大的重视,人们对种群的空间动态和变化规律也开始强烈关注,于是复合种群受到了极大关注。1990 年后,介绍复合种群理论和方法的著作和研究文章呈现出指数增长的趋势,代表性的专著有 Hanski 和 Gilpin 于 1997 年出版的《复合种群生物学——生态学、遗传学和进化》^[37]及 Hanski 于 1999 年出版的《复合种群生态学》^[38],这样,复合种群的概念、理论和方法得到了进一步完善。

复合种群是指在相对独立的地理区域内,由空间上相互隔离的局域种群的集合,这些局域种群之间又有一定程度的功能联系(个体迁移)而组成的种群镶嵌系统^[37,39,40]。复合种群的精髓是:关注物种在局域和区域尺度上的不稳定种群之间的个体迁移动态和续存条件^[38]而人类活动造成的物种灭绝正是从局部灭绝开始的,其后果会导致物种的最后灭绝^[42]。栖息地破碎化和地理隔离,大范围建立自然保护区已有困难,由于复合种群理论从栖息地质量和空间动态探讨物种濒危机制,故在珍稀濒危物

种保护中能够发挥重要作用,其概念和理论会被广泛应用于物种保护研究^[43,44]。

在建立一个很大的保护区比较困难的情况下,人们需要建立许多由小生境片段组成的保护网络来保护物种,但是到底需要多少这样的适宜生境和斑块分布密度才最有利于物种保护,这就需要运用复合种群理论指导实践。例如,生境斑块密度增加有利于种群的再建立,因而对复合种群的长期生存是有利的,但如果生境片段太近,对复合种群的长期生存又是不利的,这主要是局域动态的空间的同步上升导致的^[45]。故复合种群动态理论建议在自然保护区空间布局和栖息地管理上,尽量使生境斑块之间保持合理距离,从而指导濒危物种的保护工作。复合种群理论还可应用到保护区数量设计中,指导自然保护区的管理,周淑荣和王刚用此理论探讨了自然保护区数量和种群续存问题^[46],建立了一个既包含局域种群动态,又包含复合种群侵占率的模型,并在这两个层次上进行了计算机模拟,结果表明:复合种群的存活时间随着保护区数目的增大先增大而后减小,即保护区的数量维持在中等大小时最有利于种群在复合种群水平上的存活;自然保护区大小的最优值与种群的 Allee 效应有关。

另外,复合种群理论还能帮助人们寻找理想天敌的种类和合适的害虫防治水平,以确保害虫可持续控制。运用复合种群理论,还能寻找替代濒危物种的种群进行研究,估计模型参数,然后模拟复合种群动态^[45]。

2.3 分子生物学技术在物种保护中的应用

传统生态学在研究个体繁殖成功率、种群扩散格局和种群(或亚种群)间基因交流等问题时显得力不从心,难于控制整个试验,而这些问题恰好是影响有效种群大小和种群生活力的重要因素。在探讨生物系统发育模式时也主要是基于形态性状的分析 and 比较。自 20 世纪 70 年代分子生物进化理论的提出,给系统研究领域提供了全新的技术手段。生境的破坏、全球气候的变化和人为的干扰原因使得生物多样性遭到了严重损失,濒危物种数量越来越多,特别是物种基因资源的丧失给人们以启示:对物种需要进行分子水平上的分类,鉴定其在系统水平上的地位,研究遗传机理和特性,从而找出保护途径和手段。分子生物学技术主要基于蛋白质和核酸:①基于蛋白质的技术主要包括同工酶、等位酶、蛋白质电泳等。②基于核酸的分子生物学技术很多。RFLP 是美国学者 Botstein 于 1980 年提出的第一代分子标记,可用于物种遗传图谱构建、遗传多样性分析、基因定位和分离等;PCR 的概念最早是由 Khorana 等于 1971 年提出的,但直到 1988 年, Saiki 从真菌中开发出热稳定的 TaqDNA 聚合酶并实现 PCR 技术完全自动化后,才在生命科学领域得到了广泛应用^[47];在 PCR 的基础上, Williams 等^[48]于 1990 年提出了 RAPD 技术,用于基因定位和分离、确定种间亲缘关系和进化距离等。另外,还有其他的一些技术,比如 RT-PCR 技术、DNA 指纹技术、SSR 标记技术、PCR-RAPD 技术、DNA 序列分析技术等^[49]。而 1992 年,由 Zebeau 和 Vos 提出的扩增片段长度多态性(AFLP)技术被认为是迄今最有效的分子标记。分子生物学研究的核心内容主要包括:居群内遗传变异的水平;居群内亲缘关系;群体遗传结构和居群间的进化关系;物种间的杂交和系统发育等^[2,50]。

2.3.1 检验瓶颈效应 利用分子技术可以测度生物多样性的水平和基因位点平均杂合度,判断物种是否经过一个瓶颈效应,确定保护和恢复种群的相应措施。宿兵对大熊猫(*Ailuropoda melanoleuca*)和小熊猫(*Ailurus fulgens*)以及黑熊(*Selenarctos tibetanus*)的遗传多样性差异进行了比较,研究表明,来源于 4 个不同群体的 12 只大熊猫个体,在 40 个蛋白位点中只有一个位点表现出多态性,平均杂合度(H)只有 0.008,而小熊猫和黑熊却表现出很高遗传多样性,其平均杂合度(H)分别为 0.056, 0.055,他们推测大熊猫可能经历了一次或几次瓶颈效应^[51]。张亚平^[52]也对大熊猫种群进行了遗传多样性分析,发现群体间和群体内遗传多样性水平处于相近状态,其中一个可能的原因是大熊猫在晚更新世受到严重的瓶颈效应影响,形成较为均一的遗传背景,而后由于群体的逐渐增大,遗传多样性得到了一定程度的恢复。

2.3.2 确定进化保护单元和系统发育多样性 确定种类进化单元是制定物种优先保护策略和有效管理措施的基础。1986 年, Ryder^[53]首次提出了“进化显著单元(evolutionarily significant units)(ESU)”的概念。1994 年, Moritz^[54]对 ESU 给出了量化定义:如果两个类群在 mtDNA 水平上互为单系(reciprocal monophyly),且核基因座位上的基因频率已有显著分化,则这两个类群就分属不同的进化显著单元。利用分子生物学技术来确定优先保护类群,实际上是基于分类学和系统发育知识,由于某些种类在进化上具有独特性而需要优先保护。在北美东部有一种全部为雌性的无性系螺种群,一直以来,人们认为它们是由 4 个有性繁殖近缘种杂交而来的,杂交种的基因型是由两性近缘种基因型的 2 个或 3 个混合而来的,有二倍体,三倍体,四倍体或五倍体。但是通过线粒体基因遗传差异检测,发现线粒体基因图谱中,单性系螺同其他 4 个物种并无重叠,而是起源于一个独立的母系祖先^[49,55]。制定特殊物种的有效保护措施取决于遗传结构信息,特别是遗传变异能力的空间分布,从进化理论和遗传学角度考虑就应该用分子生物学技术研究种群的统计性和复合种群的动态过程,这种措施有利于保持种群的生态策略和维持进化过程^[56]。Salgueiro 等^[57]等利用微卫星技术研究了葡萄牙 Guadiana 排水区仅有的 8 个不同地理单元的濒危鱼类 *Anaocypris hispanica* 种群的遗传结构,结果表明,大部分 *A. hispanica* 种群都应该用一个明确的单元加以管理,而且每一种群都含有独特的遗传变异,而在此前利用 mtRNA 揭示了现存种群有很高的遗传多样性^[58],至少包含 3 个“进化显著单元(ESU)”和 4 个隔离的管理单元,因此具有很高的保护价值^[59,60]。

系统发育多样性为生物多样性保护单元的确定提供了一种测度方法。传统生物学方法无法准确了解物种之间的关系和一

个物种的消失对其他物种的损害到底有多大等问题,现在借助分子生物学方法,在原来以稀有种确定物种保护优先顺序的基础上提供了一种可选择依据,Marcos *pe'rez-Losada* 等^[61]利用 4 个 mtRNA 分析了智利 17 个物种和 1 个亚种(*Aegla*)的分子系统发育,不仅确定了物种的濒危等级,还根据物种丰度、系统发育和遗传多样性等指标将智利的 6 个温性水文地理区域划为优先保护区域。另外,系统发育多样性还可用于自然保护区选择,但在自然保护区选择过程中,除了考虑系统发育多样性、稀有种、特有种之外,还要考虑对人类有意义的物种^[49,62],因此在实际应用中还得与其他方法结合起来确定物种保护单元。

分子生物学技术在濒危物种保护中的贡献和用途远不止上面综述的几方面,还有许多其他的应用,例如分析种群地理格局和异质种群动态^[63,64]、确定种群间的基因流^[65,66]、确定个体间的亲缘关系^[67]、确定基于遗传物质的谱系关系用以分析近缘种杂交问题^[68,69]等。

2.4 “3S”技术在濒危物种研究中的应用

“3S”是指遥感(RS)、地理信息系统(GIS)和全球定位(GPS)。随着计算机技术和网络技术的发展,“3S”技术已广泛用于生物资源的管理,在保护生物学和野生动植物管理方面也发挥了极其重要的作用^[70]。在大尺度研究中,快速获取有关物种信息是比较困难的,遥感则能提供不同时期的信息,让研究人员了解有关物种的过去和现在的有关信息,而全球定位则能对研究对象的分布较为准确的定位,并能对研究人员进行野外导航,实时记录研究路线、确定准确的地理坐标和海拔等地理要素,并可在电子地图上准确标定,进行可视化显示,这些数据都是研究濒危物种有效的信息源,为物种和生物多样性保护提供了决策依据^[71,72]。地理信息系统由于具有强大的空间管理和分析能力,在生物多样性管理方面也发挥了重要作用。世界上第一个地理信息系统(GIS)产生于 20 世纪 60 年代中期,当时主要用于土地的规划和管理;20 世纪 70 年代,GIS 逐渐用于野生动植物的规划和管理;20 世纪 80 年代以来,人们开始将遥感和地理信息系统结合起来研究野生动植物的保护和管理,比如 *Palmeirim*^[73]利用遥感获得了鸟类生境信息并确定了抽样调查的地点,借助 GIS 功能得出了鸟类的区系组成和多度,结合调查的生境特征,进行生境适宜性分析,得出鸟类适合的生境分布图,并以此计算出鸟类的密度和数量,预测出研究区各种鸟类的种群动态。20 世纪 90 年代以来,人们开始运用“3S”技术、网络技术、计算机技术和数学模型联合研究种群时空动态、潜在数量和预测适宜生境^[74,75]。进入 21 世纪,“3S”技术在保护生物计划中更是得到了广泛提倡^[76~78]。比如用于评价高速公路和大坝修建对珍稀濒危物种种群动态和迁移的影响以及农作物亲缘种保护^[79,80]; David Drapera 2003 年用 GIS 对葡萄牙的植物进行规划和管理,研究了里兹本大学植物园不同地点和不同植物组的保护,主要开展了 4 方面的工作^[77]:①比较苔藓类植物(*Bruchia vogesiaca*)在局域和区域尺度的生态格局;②以濒危苔藓类植物为研究对象,根据生境适宜性选择保护区域;③分析外来种 *Carpobrotus edulis* 对 Berlangas 自然保护区特有种的影响;④为植物种子采集地的选择做生态地理调查,以便使现存的遗传多样性典型样本得到保存。

3 讨论和研究展望

面对生物多样性的丧失、大量物种变成濒危种甚至处于灭绝境地,需要全面了解物种的生物学特性、生态学特性、种群遗传关系、种群动态、种群生存力以及它们与外界环境之间的内在关联等科学问题。因此,运用不同学科的理论,发展和完善有利于濒危物种保护的技术显得十分必要,这些技术可以帮助我们研究不同物种的濒危机制,以便采取有效的保护措施使生物多样性保存量最大,以及保护生物种群持续生存和依赖的生态环境。

3.1 种群生存力分析

种群生存力分析技术可以有效制定出最经济实用的物种保护策略、预测种群动态、确定 MVP 等。然而,PVA 也有其局限性^[81],例如对濒危物种进行种群生存力分析,需要大量的定性和定量参数,而小种群的这些参数获取都比较困难,必须借助有关资料作合理推测和估计,由于进行种群生存力分析的模型是在计算机上模拟的,就必须要求推测和估计的精度较高,否则,某些参数稍加改动,模拟的结果就会相差很远。因此,如何快速准确获取有关物种详细的政治、经济、社会和生物学信息(参数)是进行种群生存力分析的前提条件。虽然 PVA 有其局限性,但至今为止也没有其它更有吸引力的方法提出来,PVA 模型在物种保护方面仍然有着广阔的应用前景^[82]。为了解决 PVA 存在的部分问题,在今后的研究过程中,应该重视以下几方面的研究,这也是 PVA 今后的发展趋势:①长期定位研究,建立目标种的种群参数和环境参数数据库,为 PVA 提供可靠数据。在我国,只有少数物种得到长期定位研究,而且几乎都以动物为研究对象,今后应该加强对植物的长期定位研究,收集相关的种群和环境参数。②改善和提高 PVA 预测模型精度。在我国,虽然 PVA 模型也得到了应用,但大部分研究实例只不过是对外国已有方法的应用而已,对精度考虑较少,在这方面国外已有人做了许多探索,例如 Parysow 利用 VORTEX 模型研究一种美洲的燕雀类捕虫鸣鸟(*Vireo atricapillus*),充分考虑了估计误,也就是不确定因素造成的误差,结果表明,把估计误考虑到 PVA 模型中时,能够清楚的了解濒危物种所面临的可能威胁,并制定出有利于物种保护的有效管理计划^[83]。③发展包括多个目标物种和多个随机因子的 PVA 模型。目前,应用 PVA 模型研究的物种基本上只有一种或两种,很少将多个目标种联合起来进行研究。物种并不是生存在孤立环境系统中的,种间关系及其相互作用也应该是 PVA 研究的重点。另外,无论是前面讲的分析模型还是模拟

模型,都未将多个随机因子一起考虑,为了提高预测的准确性,建立多目标种的 PVA 模型也是十分必要的。④规范收集 PVA 数据和收集方法,尝试用分类学上亲缘关系相近的物种替代濒危物种作为模型所需的数据,对不同分类群和同一分类群不同地理分布的目标种进行研究,并比较 PVA 模型的预测精度。

3.2 复合种群理论

虽然不断发展的复合种群模型对物种保护有着十分重要的指导意义,但是复合种群模型预测只有在局部种群栖息地斑块不是太小而导致过高的物种灭绝率,也不可过于隔离而阻碍局部种群重新建立的前提下,物种才能得到长期保存,当生境破碎化速度达到或超过复合种群绝灭一定值的平衡过程时,复合种群将走向灭绝,这时复合种群理论对物种的保护将不再起作用^[43,84]。

由此可见,复合种群理论和方法以及它的实用性范围都给人们提出了挑战,今后科学家应在复合种群领域的以下几方面进行深入研究:①进一步完善复合种群理论和预测模型。已建立起来的复合种群模型大都不能很好的描述景观结构的特征,没有全面考虑生境斑块网络的空间结构。②怎样从复合种群演化的遗传和进化中寻找保护珍稀濒危物种的规律,目前尚未取得明显进展,因此,探讨复合种群的遗传学和适应性进化过程是十分必要的。③复合种群理论是基于对动物特别是小型动物的研究发展起来的,在植物研究中还有许多问题值得探讨,比如珍稀濒危植物有多少是以复合种群的状态存在?能否利用现有的动态理论进行预测等科学问题。不能因为复合种群理论所要求的前提与现实条件还有一定差距就忽略它的应用,这一理论对日益加速的破碎化景观中的物种分化和种化(Speciation)及遗传多样性的保存都具有重要意义^[85],对于捕食与被捕食平衡^[86]、寄主和寄生物动态^[87]都是非常好的概念工具。由于复合种群理论包含生境质量和空间动态两方面的信息,随着人们对该理论的认识和对基础理论的完善,它将在濒危物种保护中有着广阔的应用前景。

3.3 分子生物学技术

分子生物学的出现克服了传统生态学难以克服的困难,解决了常规统计调查方法解决不了的基因流、亲缘关系鉴定、遗传物质的图谱关系、种间杂交等问题。分子标记的应用有助于清楚的了解种群间关系、种群动态和进化历史,从而为物种保护和种群控制提供更精确的科学依据^[49]。随着分子生物学的发展,许多保护生物学问题将得到解决,例如主组织相容性复合体(major histocompatibility complex, MHC)技术就有助于研究种群对疾病的易感性等一系列种群特异性问题^[88,89],通过 MHC 的遗传变异分析可以提供物种的遗传多样性水平、进化历史和种群动态,以及种群遗传结构等信息,并在濒危物种种群饲养和繁殖中有重要作用。但是,分子生物学技术中的有些方法还不完善,例如 PCR-RAPD 技术在植物抗病性研究中还处于探索阶段,实际应用还不多见,还需要进一步提高其稳定性和重复性,降低假阳性以区分同一位点扩增的 DNA 片段的纯合和杂合、反应体系的优化等还有待进一步研究;另外,到目前为止,主要是应用分子生物学的某一种技术对某一目标物种进行研究,缺乏对比性、试验结果的可靠性和精度都不是很高,今后研究的目标应集中对目标物种同时应用多个分子标记,并与传统统计调查方法相结合,使所得结果更有说服力^[49,88]。

3.4 “3S”技术展望

我国是世界上生物多样性最丰富的国家之一,保护好中国的生物资源特别是珍稀濒危物种有着十分重要的意义。“3S”技术虽然为物种保护提供了强有力支持,在我国和世界上都得到了广泛应用,但是如何将 RS、GPS 和 GIS 结合起来进行一体化应用还有很大困难。在未来的研究工作中,需要根据研究对象和目的不同,选择不同空间和时间分辨率的遥感数据源,结合地理信息系统和抽样调查技术,一方面摸清本底、预测濒危物种的潜在地理分布范围、开展长期动态监测以及合理制定资源保护管理计划和保护策略,另一方面也可利用遥感数据源研究物种的历史情况,通过与现实对比研究,找出物种濒危的原因和制定保护措施。另外,不仅要“3S”技术结合起来,而且还要与专家系统、决策支持系统和管理系统相联系,同时在技术规范和数据格式上与国际惯例接轨,实现全国乃至世界范围的数据共享。

References:

- [1] Li A, Ge S. Advances in plant conservation genetics. *Biodiversity Science*, 2002, 10(1): 61~71.
- [2] Frankham R. Conservation genetics. *Annual Review of Genetics*, 1995, 29: 305~327.
- [3] Zhao S Q, Fang J Y, Lei G C. Global 200: an approach to setting large-scale biodiversity conservation priorities. *Chinese Biodiversity*, 2000, 8(4): 435~440.
- [4] IUCN. *IUCN red list categories*. Switzerland. IUCN, Gland, 1994.
- [5] Lu D G, Ge Y, Chang J, et al. The effects of population density on the mortality, growth and reproduction in *Mosla hangchowensis*. *Chinese Biodiversity*, 1999, 7(2): 127~131.
- [6] Li L, Wang R Q, Wang Z R, et al. The studies of Naidong Camellia biodiversity in Qingdao II. Genetic diversity analysis of populations. *Chinese Biodiversity*, 1996, 4(1): 1~6.
- [7] Shangguan T L, Zhang F. The endangered causes of *Elaeagnus mollis*, an endemic to China. *Acta Ecologica Sinica*, 2001, 21(3): 502~

505.

- [8] Zhang W H, Zu Y G, Liu G B. Population ecological characteristics and analysis on endangered cause of ten endangered plant species. *Acta Ecologica Sinica*, 2002, **22**(9): 1512~1520.
- [9] Diamond J M. Normal extinction of isolated population. In: Nitecki M H, ed. *Extinctions*. Chicago: University of Chicago Press, 1984. 191~246.
- [10] Lin Z S, Wang S G. Study on the relation between the Animal Species extinction and habitat destruction. *Acta Ecologica Sinica*, 2002, **22**(4): 535~540.
- [11] Lin Z S. The influence of habitat destruction on the ecological effect of metapopulation. *Acta Ecologica Sinica*, 2003, **23**(3): 480~485.
- [12] Franklin I A. Evolutionary change in small population. In: Soule M E and Wilcox B A eds. *Conservation Biology: an Evolutionary-Ecological Perspective*. Sinauer Associates, Sunderland, Mass, 1980. 135~149.
- [13] Shaffer M L. Minimum population sizes for species conservation. *Bioscience*, 1981, **31**(2): 131~134.
- [14] Peng S L, Wang D B, Li Q F. Advances in plant population viability analysis. *Acta Ecologica Sinica*, 2002, **22**(12): 2175~2185.
- [15] Soule E M. Introduction 1~9, in viable population for conservation edited by M E Soule, Cambridge: Cambridge University Press, 1987.
- [16] Wei F W, Feng Z J, Hu J C. Population viability analysis computer model of Giant Panda population in Wuyipeng, Wolong Natural Reserve, China. *Int. Conf. Bear Res. and Mag.*, 1997, **9**(2): 19~23.
- [17] Menges E S. Population viability analysis in plants: challenges and opportunities. *Trends in Ecology & Evolution*, 2000, **15**(2): 51~56.
- [18] Goodman D T. The demography of chance extinction. In: Soule M E, ed. *Viable Population for Conservation*. Cambridge: Cambridge University Press, 1987. 11~34.
- [19] Ewens W J, et al. MVP size in the presence of catastrophe. In: Soule M E, ed. *Viable Population for Conservation*. Cambridge: Cambridge University Press, 1987. 11~34.
- [20] Lacy R C. A computer simulation model for population viability analysis. *Wildl. Res.*, 1993, **20**: 45~65.
- [21] Susan M Haig. Population viability analysis for a small population of Red-Cockaded woodpeckers and an evaluation of enhancement strategies. *Conservation Biology*, 1991, **2**: 289~299.
- [22] Boyce M. Population viability analysis. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 1992, **23**: 481~506.
- [23] Simberloff D. The contribution of population and community biology to conservation science. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 1988, **19**: 473~511.
- [24] Shaffer M L. Minimum, viable populations: coping with uncertainty. in viable population for conservation edited by M E Soule, Cambridge: Cambridge University Press, 1987. 69~86.
- [25] Lindenmayer D B, McCarthy M A, Possingham H P, et al. A simple landscape-scale test of a spatially explicit population model: patch occupancy in fragmented southeastern Australian forests. *Oikos*, 2001, **92**: 445~458.
- [26] McCarthy M A, Lindenmayer D B, Possingham H P. Assessing spatial PVA models of arboreal marsupials using significance tests and Bayesian statistics. *Biological Conservation*, 2001, **98**: 191~200.
- [27] Beissinger S, McCullough D R. *Population Viability Analysis*. Chicago: USA. University of Chicago Press, 2002.
- [28] Reed M, Mills L S, Dunning Jr, et al. Emerging issues in population viability analysis. *Conservation Biology*, 2002, **16**: 1~7.
- [29] Reeda D H, Julian J, Gradya O, Brook B W, et al. Estimates of minimum viable population sizes for vertebrates and factors influencing those estimates. *Biological Conservation*, 2003, **113**: 23~34.
- [30] Burgman M A, Possingham H P, Lynch A J J, et al. A method for setting the size of plant conservation target areas. *Conservation Biology*, 2001, **15**(3): 603~616.
- [31] Pfab M F, Witkowski E T F. A simple population viability analysis of the critically endangered Euphorbia clivicola R. A. Dyer under four management scenarios. *Biological Conservation*, 2000, **96**: 263~270.
- [32] Lennartsson T, Oostermeijer J, Gerard B. Demographic variation and population viability in *Gentianella Camperstris*: Effects of grassland management and environmental stochasticity. *J. Ecol.*, 2001, **89**(3): 451~463.
- [33] Mace G M, Lande R. Assessing extinction threats: toward a reevaluation of IUCN threatened species categories. *Conservation Biology*, 1991, **5**(2): 148~157.
- [34] Andrewartha H G, Birch L C. *The Distribution and Abundance of Animals*. Chicago: University of Chicago Press, 1954.
- [35] Ehrlich P R. Intrinsic barriers to dispersal in the checker spot butterfly (*Euphydryas editha*). *Science*, 1961, **134**: 108~109.
- [36] Levins R. Extinction. Lectures on Mathematics in the life. *Sciences*, 1970, **2**: 75~107.
- [37] Hanski, I. and Gilpin M E. *Metapopulation Biology: Ecology, Genetics, and Evolution*. San Diego: Academic Press, 1997.
- [38] Hanski I. *Metapopulation Ecology*. Oxford: Oxford University Press, 1999.
- [39] Levins R. Some demographic and genetic consequence of environmental heterogeneity for biology control. *Bull. Entomol. Soc. Am.*, 1969a, **15**: 237~240.
- [40] Levins R. The effect of random variation of different types of on population growth. *Proc. Natl. Sci. U. S. A.*, 1969b, **62**: 1061~1065.
- [41] Hanski I. Metapopulation dynamics. *Nature*, 1998, **395**: 41~49.
- [42] Jiang Z G, Ma K P, Han X G. Conservation Biology. *Research series book of biodiversity*. Hangzhou: Zhejiang Science and Technology Press, 1997. 1~10.
- [43] Zhao S Q, Fang J Y, Lei G C. Theoretical basis for species conservation from theory of island biogeography to metapopulation dynamic theory. *Acta Ecologica Sinica*, 2001, **21**(7): 1171~1179.
- [44] Broom 万方数据. Intraspecific differences in population demography of Mountain Pygmy-possums *Burramys parvus* Broom (1986~1998): implications for metapopulation conservation and ski resorts in Kosciuszko National Park, Australia. *Biological Conservation*, 2001, **102**:

309~323.

- [45] Zhang D Y. Metapopulation and biodiversity conservation. *Chinese Bulletin of Biology*, 2002, **37**(2): 1~4.
- [46] ZH S R, W G. The influence of the number of reserves on population persistence at the metapopulation level. *Journal of Lanzhou University (Natural Sciences)*, 2002, **38**(4): 109~113.
- [47] Dieffenbach C W, Dveksler C S, eds. Huang P T, YU W Y, Chen T M, *et al.* translated. *Experimental Guideline of PCR Technology*. Beijing: Science Publishing House, 1998.
- [48] Williams J C K, Kubelic A R. Polymorphism amplified by arbitrary primers are useful genetic marker. *Nucleic Acids Res.*, 1990, **18**(22): 6531.
- [49] Yang Y H, Li Y M. Melocular ecology and animal biodiversity conservation. *Biodiversity Science*, 2001, **9**(3): 284~293.
- [50] Avise J C and Hamrick J L. *Conservation Genetics, Case Histories from Nature*. Chapman & Hall, New York, 1996.
- [51] Su B. Analysis on Giant Panda (*Ailuropoda melanoleuca*) genetic diversity with protein electrophoresis. *Chinese Bulletin of Science*, 1994, **39**: 742~745.
- [52] Zhang Y P, Su B. Giant Panda (*Ailuropoda melanoleuca*) genetic diversity. In: *Chinese Animals and Plants Genetic Diversity*, edited by Hu Z A, Zhang Y P. Hangzhou: Zhejiang Science and Technology Press, 1997. 7~17.
- [53] Ryder O A. Species conservation and systematics: the dilemma of subspecies. *Trends in Ecology & Evolution*, 1986, **1**: 9~10.
- [54] Moritz C. Defining evolutionary significant units for conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 1994, **9**: 373~375.
- [55] Spolsky C M, Phillips C A and Uzzell T. Antiquity of clonal salamander lineages revealed by mitochondrial DNA. *Nature*, 1992, **356**: 706~708.
- [56] Moritz C, McGuigan K, Bernatchez L. Conservation of freshwater fishes: integrating evolution and genetics with ecology. In: Collares-Pereira M J, Cowx I G, Coelho M M, Eds. *Conservation of Freshwater Fish: Options for the Future*. Blackwell Science, Oxford, 2002. 293~310.
- [57] Salgueiroa P, Carvahob G, Collares-Pereira M J, *et al.* Microsatellite analysis of genetic population structure of the endangered cyprinid *Anaocypris hispanica* in Portugal: implications for conservation. *Biological Conservation*, 2003, **109**: 47~56.
- [58] Alves M J, Coelho H, Collares-Pereira M J, *et al.* Mitochondrial DNA variation in the highly endangered cyprinid fish *Anaocypris hispanica*: importance for conservation. *Heredity*, 2001, **87**: 463~473.
- [59] Avise J C. *Phylogeography: the History and Formation of Species*. Harvard University Press, Cambridge, M A. Genetic structure of populations of the threatened eastern massasauga, 2000.
- [60] Bernatchez L. The evolutionary history of brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic nested clade and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. *Evolution*, 2001, **55**(2): 351~379.
- [61] Marcos Perez-Losada, Jarab C G, Bond-Buckup G, *et al.* Conservation phylogenetics of Chilean freshwater crabs *Aegla* (*Anomura*, *Aeglididae*): assigning priorities for aquatic habitat protection. *Biological Conservation*, 2002, **105**: 345~353.
- [62] Wang Z F, Peng S L. Plant conservation genetics. *Acta Ecologica Sinica*, 2003, **23**(1): 158~172.
- [63] Gavin T A, Sherman P W, Yensen E, *et al.* Population genetic structure of the northern Idaho ground squirrel (*Spermophilus brunneus*). *Journal of Mammalogy*, 1999, **80**(1): 156~168.
- [64] Waters J M, Burrige C P. Extreme intraspecific mitochondrial DNA sequence divergence in *Galaxias maculatus* (Ostereichthys: Galaxiidae), one of the most widespread freshwater fish. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1999, **11**(1): 1~12.
- [65] Patton J L, Da Silva M N F, Malcom J R. Hierarchical genetic structure and gene flow in three sympatric species of Amazonian rodents. *Molecular Ecology*, 1996, **5**: 229~238.
- [66] Schneider C. Distinguish between primary and secondary intergradation among morphologically differentiated populations of *Anolis marmoratus*. *Molecular Ecology*, 1996, **5**: 239~249.
- [67] Hughes C. Integrating molecular techniques with field methods in studies of social behavior: a revolution results. *Ecology*, 1998, **79**(2): 383~399.
- [68] Roelke M E, Martenson J S, O'Brien S J. The consequence of demographic reduction and genetic depletion in the endangered Florida Panther. *Current Biology*, 1993, **3**: 340~350.
- [69] Ryman N, Utter F, Hindar K. *Introgression, Supportive Breeding and Genetic Conservation Population Management for Survival and Recovery*. New York: Columbia University Press, 1995. 341~365.
- [70] Brown S, Schreier H, Thompson W A, *et al.* Linking multiple accounts with GIS as decision support system to resolve forestry/wildlife conflicts. *Journal of Environmental Management*, 1994, **42**: 349~364.
- [71] Ormsby J P, Lunetta R S. Whitetail deer food availability maps from thematic mapper data. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 1987, **8**: 1081~1085.
- [72] Agee J K, Stitt S C F, Nyquist M, *et al.* A geographic analysis of historical grizzly bear sightings in the North Cascades. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 1989, **11**(55): 1637~1642.
- [73] Palmeirim J M. Automatic mapping of Avian species habit using satellite imagery. *Oikos*, 1988, **52**: 59~68.
- [74] Stoms D M, Davis F W, Cogan C B. Sensitivity of wildlife habitat models to uncertainties in GIS data. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 1992, **6**(58): 843~850.
- [75] Roseberry J L, Richards B J, Hollenhorst T P. Assessing the potential impact of conservation reserve program lands on bobwhite habitat using remote sensing, GIS, and habitat modelling. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 1994, **9**(60): 1139~1143.
- [76] Ranci O G, De Leo G A, Gatto M. VVF: integrating modelling and GIS in a software tool for habitat suitability assessment.

Environmental Modelling & Software, 2000, **15**: 1~12.

- [77] David D, Antonia Rossello-Graella, Cesar Garciaa, *et al.* Application of GIS in plant conservation programmes in Portugal. *Biological Conservation*, 2003, **113**: 337~349.
- [78] Salem B B. Application of GIS to biodiversity monitoring. *Journal of Arid Environments*, 2003, **54**: 91~114.
- [79] Draper D, Rossello-Graell, Iriondo A. *A translocation action in Portugal: selecting a new location for Narcissus cavanillesii*. In: Barra A. , Lopez, G. Eds. , 2001.
- [80] Hijmans R J, Spooner D M. Geographic distribution of wild potato species. *American Journal of Botany*, 2001, **88**: 2101~2112.
- [81] Coulson T, Mace G M, Hudson E, *et al.* The use and abuse of population viability analyses. *Trends in Ecology and Evolution*, 2001, **16**: 219~221.
- [82] Brook B W, Burgman M A. Critiques of PVA ask the wrong questions: throwing the heuristic baby out with the numerical bathwater. *Conservation Biology*, 2002, **16**: 262~263.
- [83] Parsow P, Tazid D J. Assessing the effect of estimation error on population viability analysis: an example using the black-capped vireo. *Ecological Modelling*, 2002, **155**: 217~229.
- [84] Hanski I A. *Metapopulation ecology*. Oxford: Oxford University Press, 1998.
- [85] Hanski I and Gilpin M. Metapopulation dynamics: Brief history and conceptual domain. In: M Gilpin and I Hanski, eds *Metapopulation Dynamics: Empirical and Theoretical Investigations*. Academic Press, London, 1991. 3~16.
- [86] Sabeil M W, Diekmann O and Jansen V A A. Metapopulation persistence despite local extinction-predator-prey patch models of the Lotka-Volterra type. *Biol. J. Linn. Soc.*, 1991, **42**: 267~283.
- [87] Taylor A D. Large-scale spatial structure and population dynamics in arthropod predator-prey systems. *Ann. Zool. Fenn.*, 1988, **25**: 63~74.
- [88] Haig S M. Molecular contributions to conservation. *Ecology*, 1998, **79**(2): 413~425.
- [89] Sun L F, Cao X T, Liu H J. The affection to lymphocyte subsets in the draining lymphoid node and immune protected effect from the MHC class I antigen peptides pulsed DCs with IL-2 gene modified immunized mice. *Chinese Immunology*, 2001, **1**: 13~18.

参考文献:

- [1] 李昂, 葛颂. 植物保护遗传学研究进展. 生物多样性, 2002, **10**(1): 61~71.
- [3] 赵淑清, 方精云, 雷光春. 全球 200: 确定大尺度生物多样性优先保护的一种方法. 生物多样性, 2000, **8**(4): 435~440.
- [5] 陆大根, 葛茎, 常杰, 等. 杭州石芥兰 (*Mosla hangchowensis*) 种群密度制约试验的统计分析. 生物多样性, 1999, **7**(2): 127~131.
- [6] 李力, 王仁卿, 王中仁. 青岛耐冬山茶的多样性 II. 居群的遗传多样性分析. 生物多样性, 1996, **4**(1): 1~6.
- [7] 上官铁梁, 张峰. 我国特有珍稀植物翅果油树濒危原因分析. 生态学报, 2001, **21**(3): 502~505.
- [8] 张文辉, 祖元刚, 刘国彬. 十种濒危植物的种群生态学特征及致危因素分析. 生态学报, 2002, **22**(9): 1512~1520.
- [10] 林振山, 王曙光. 栖息地破坏与动物物种灭绝关系的模拟研究. 生态学报, 2002, **22**(4): 535~540.
- [11] 林振山. 生境变化对集合种群系统生态效应的影响. 生态学报, 2003, **23**(3): 480~485.
- [14] 彭少麟, 汪殿蓓, 李勤奋. 植物种群生存力分析研究进展. 生态学报, 2002, **22**(12): 2175~2185.
- [42] 蒋志刚, 马克平, 韩兴国. 保护生物学. 生物多样性研究系列丛书. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1997. 1~10.
- [43] 赵淑清, 方精云, 雷光春. 物种保护的理论基础——从岛屿生物地理学理论到集合种群理论. 生态学报, 2001, **21**(7): 1171~1179.
- [45] 张大勇. 集合种群与生物多样性保护. 生物学通报, 2002, **37**(2): 1~4.
- [46] 周淑荣, 王刚. 保护区数量和种群在集合种群水平上的续存. 兰州大学学报(自然科学版), 2002, **38**(4): 109~113.
- [47] Dieffenbach C W, Dveksler C S eds. 黄培堂, 俞炜源, 陈天弥, 等译. PCR 技术实验指南. 北京: 科学出版社, 1998.
- [49] 杨玉慧, 李义明. 分子生态学研究与动物多样性保护. 生物多样性, 2001, **9**(3): 284~293.
- [51] 宿兵, 等. 大熊猫遗传多样性的蛋白电泳研究. 科学通报, 1994, **39**: 742~745.
- [52] 张亚平, 宿兵. 大熊猫的遗传多样性. 见: 胡志昂, 张亚平主编. 中国动植物的遗传多样性. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1997. 7~17.
- [62] 王峥峰, 彭少麟. 植物保护遗传学. 生态学报, 2003, **23**(1): 158~172.
- [89] 孙黎飞, 曹雪涛, 刘海军. MHC I 类抗原多肽致敏 IL-2 基因修饰的树突状细胞对小鼠引流淋巴 T 细胞亚群的影响及其免疫保护作用. 中国免疫学杂志, 2001, **1**: 13~18.