

中国百种杰出学术期刊
中国精品科技期刊
中国科协优秀期刊
中国科学院优秀科技期刊
新中国 60 年有影响力的期刊
国家期刊奖

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica

(Shengtai Xuebao)

第 31 卷 第 2 期
Vol.31 No.2
2011



中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心
科学出版社

主办
出版



中国科学院科学出版基金资助出版

生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

第 31 卷 第 2 期 2011 年 1 月 (半月刊)

目 次

长白山山杨种群的性比格局及其空间分布	潘春芳,赵秀海,夏富才,等 (297)
冬季融冻过程中白三叶叶片抗氧化酶活力和渗透调节物含量变化与抗冻性的关系	赵 梅,周瑞莲,刘建芳,等 (306)
黄土高原主要森林类型自然性的灰色关联度分析	王乃江,刘增文,徐 钊,等 (316)
两种抗生素对龙须菜的光合生理效应	简建波,邹定辉,刘文华,等 (326)
典型喀斯特峰丛洼地植被群落凋落物 C:N:P 生态化学计量特征	潘复静,张 伟,王克林,等 (335)
塔里木河下游地下水埋深对胡杨气体交换和叶绿素荧光的影响	陈亚鹏,陈亚宁,徐长春,等 (344)
基于 MODIS/NDVI 的陕北地区植被动态监测与评价	宋富强,邢开雄,刘 阳,等 (354)
火因子对荒漠化草原草本层片植物群落组成的影响	贺郝钰,苏洁琼,黄 磊,等 (364)
4 种阔叶幼苗对 PEG 模拟干旱的生理响应	冯慧芳,薛 立,任向荣,等 (371)
城市带状绿地宽度与温湿效益的关系	朱春阳,李树华,纪 鹏,等 (383)
西藏斧钺水鸟多样性及斑头雁繁殖活动区的变化	张国钢,刘冬平,钱法文,等 (395)
王朗自然保护区大熊猫生境选择	康东伟,康 文,谭留夷,等 (401)
东方田鼠警觉对其功能反应的作用格局	陶双伦,杨锡福,邓凯东,等 (410)
台州市路桥区重金属污染对土壤动物群落结构的影响	白 义,施时迪,齐 鑫,等 (421)
青岛湾小型底栖生物周年数量分布与沉积环境	杜永芬,徐奎栋,类彦立,等 (431)
叉尾斗鱼种群遗传变异与亲缘地理	王培欣,白俊杰,胡隐昌,等 (441)
C ₃ 和 C ₄ 植物寄主对华北地区棉铃虫越冬代和第一代的影响	叶乐夫,付 雪,戈 峰 (449)
3 种海拔高度茶园中 2 种害虫与其天敌间的数量和空间关系	毕守东,柯胜兵,徐劲峰,等 (455)
坝上地区农田和恢复生境地地表甲虫多样性	刘云慧,宇振荣,王长柳,等 (465)
若尔盖高寒湿地干湿土壤条件下微生物群落结构特征	牛 佳,周小奇,蒋 娜,等 (474)
红枣贮藏期果面微生物多样性	沙月霞 (483)
CO ₂ 和温度升高情况下白粉菌侵染对西葫芦生长特性的影响	刘俊稚,葛亚明,Pugliese Massimo,等 (491)
丛枝菌根真菌对中性紫色土土壤团聚体特征的影响	彭思利,申 鸿,袁俊吉,等 (498)
新疆断裂带泉水中细菌群落结构的 PCR-DGGE 分析	吴江超,高小其,曾 军,等 (506)
石油污染对海洋浮游植物群落生长的影响	黄逸君,陈全震,曾江宁,等 (513)
不同耐性水稻幼苗根系对镉胁迫的形态及生理响应	何俊瑜,任艳芳,王阳阳,等 (522)
基于 CLUE-S 模型的密云县面源污染控制景观安全格局分析	潘 影,刘云慧,王 静,等 (529)
基于生态足迹的生态地租分析	龙开胜,陈利根,赵亚莉 (538)
深圳市植被受损分级评价及其与景观可达性的关系	刘语凡,陈 雪,李贵才,等 (547)
专论与综述	
美国、加拿大环境和健康风险管理方法	贺桂珍,吕永龙 (556)
植物蜡质及其与环境的关系	李婧婧,黄俊华,谢树成 (565)
油田硫酸盐还原菌酸化腐蚀机制及防治研究进展	庄 文,初立业,邵宏波 (575)
叶际微生物研究进展	潘建刚,呼 庆,齐鸿雁,等 (583)

叉尾斗鱼种群遗传变异与亲缘地理

王培欣, 白俊杰, 胡隐昌, 牟希东, 汪学杰, 李小慧, 宋红梅, 杨叶欣, 罗建仁*

(中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广州 510380)

摘要:通过分析采自珠江、鉴江、漠阳江、赣江、韩江、黄冈河、九龙江和闽江 8 个流域 23 个采样点 121 尾叉尾斗鱼 mtDNA 控制区 3'端和临近序列共 400bp, 研究其种群遗传变异和亲缘地理格局。所分析序列只有 13 个变异位点, 共有 11 个单倍型, 碱基序列总的单倍型多样性为 0.576, 核苷酸多样性为 0.00818, 均较低。珠江流域存在群体内独有单倍型, 有两个广布单倍型 H1 和 H2, 分别占有所有样品的 19% 和 62%。最小进化网络图显示单倍型没有明显的亲缘地理格局, 呈星状发散, H1 和 H2 处于中心。AMOVA 分析显示变异主要来自地理区内群体间, 歧点分布和中性检测显示叉尾斗鱼并未经历种群扩张。结果表明叉尾斗鱼种群遗传多样性很低且存在地理差异; 各流域个体呈混杂分布格局, 现有群体可能在珠江流域有东西两个起源; 推测种群最近经历严重瓶颈效应。

关键词:叉尾斗鱼; mtDNA 控制区; 种群遗传变异; 亲缘地理

Population genetic variations and phylogeography of *Macropodus opercularis*

WANG Peixin, BAI Junjie, HU Yinchang, MU Xidong, WANG Xuejie, LI Xiaohui, SONG Hongmei, YANG Yexin, LUO Jianren*

Pearl River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510380, China

Abstract: For their restricted distribution and strongly associate to evolutionary history and geological events, the freshwater fishes were usually used in biogeography studies. *Macropodus opercularis* (Perciformes, Belontiidae), a popular small freshwater ornamental fish, was originated in China from Yangtze basin to South China region including Hainan Island and Taiwan Island, and also could be founded in North Viet Nam. *M. opercularis* is an air breather, the male will build bubble nest and collect the fertilized eggs to the nest in breeding season, and is a special species on phylogeographic study. The population of *M. opercularis* had reduced rapidly in recent years due to environment depravation and improper exploitation. In this study, the population genetic variations and phylogeographical pattern of 123 *M. opercularis* from 23 sample sites including Pearl River, Jianjiang River, Moyangjiang River, Ganjiang River, Hanjiang River, Huangganghe River, Jiulongjiang River and Minjiang River, totally 8 river basins were investigated based on 400 bp nucleotide sequences of mtDNA partial control region and 3' end sequences nearby. The sequence analysis results showed that only 13 variable sites on the sequences (3.25%), include 3 haplotype pattern variable sites and 10 parsimony informative sites, no site with alignment gaps or missing data was found. The samples fall into 11 haplotypes, with only 0.576 haplotype diversity and 0.00818 nucleotide diversity. The Pearl River basin populations had unique haplotypes, populations from Guangzhou-tianhe, Panyu, Wuzhou and Daxin had one haplotype respectively, and populations from Luocheng, Huizhou had two haplotypes respectively. Haplotype H1 and H2 distributed most widely, H1 distributed on 23 samples (19%) from the Pearl River, Jianjiang River, Moyangjiang River and Hanjiang River, and H2 distributed on 75 samples (62%) of all drainage systems except for Jianjiang River. Haplotype H3 was shared by populations of Jianjiang River, Moyangjiang River and Ganjiang River. The haplotypes minimum spanning network for *M. opercularis* didn't showed clades corresponding to

基金项目:广东淡水鱼类种质资源库建设项目(2006B60101029); 农业部农作物病虫害鼠害疫情监测与防治项目外来入侵生物监测预警(2130108)

收稿日期:2009-12-03; 修订日期:2010-09-16

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: fishlo@163.net

sample sites and showed star-like radiation. H1 and H2 were in the highest flight, and they were connected with 6 mutations via H3. Unique haplotypes of Xijiang River middle and upper reaches surrounded H1, unique haplotypes of Dongjiang River and Pearl River delta surrounded H2. Analysis of molecular variance (AMOVA) revealed that most of the genetic variation resides among populations within a geographic region (54.08%), which indicate that isolation among drainage systems is the key factor producing genetic diversity among populations of *M. opercularis*. Mismatch distribution and neutrality tests indicated that *M. opercularis* in this research hadn't experienced population expansion. Individuals of different river basins distributed motleyly, suggest that all populations revealing lineage sorting and high gene flow between populations. The network revealed that *M. opercularis* might had 2 origins in Pearl River basin, one was Xijiang River middle and upper reaches, the other was Dongjiang River and Pearl River delta. Some fish samples from different river basins share the same haplotypes, indicating that some of the drainage systems had physical connection before they became geographically separated. Although *M. opercularis* could expand widely in a short period of time, the population had suffered serious bottleneck effect recently, and should be paid more attention to protect.

Key Words: *Macropodus opercularis*; mtDNA control region; population genetic variations; phylogeography

亲缘地理学(Phylogeography),又称系统地理学,是研究有密切亲缘关系的种间和种内支系现有地理分布格局的形成过程和形成机制的新兴学科^[1]。初级淡水鱼类终生不下海,在地理分布上必须依赖水系的相连才可扩迁,故初级淡水鱼类在分布上具有“岛屿”扩迁模式^[2],因此其演化及分布模式常会反应出一个地区在古地质生物学上的复杂性,尤其是水系的发展、分离还有相联结的过程^[3-4]。由于此特性,初级淡水鱼类在地理分布上经常出现动物地理区,因此探讨其亲缘地理,可以帮助人们了解此地区水系过去所经历的历史与演化事件^[5]。

叉尾斗鱼(*Macropodus opercularis*)是具有很高观赏价值的小型初级淡水鱼,隶属于鲈形目 Perciformes,攀鲈亚目 Anabantoidei,斗鱼科 Belontiidae,斗鱼亚科 Macropodinae,斗鱼属 *Macropodus*,原产于我国包括海南岛及台湾岛的长江以南地区和中南半岛北部^[6-7]。叉尾斗鱼可直接呼吸空气,且受精卵在雄鱼所筑泡巢中孵化,在生态上与目前亲缘地理学研究的其他鱼类^[1,4-5,8-11]相比有其特殊性。近年来,由于生存环境恶化和不当开发,叉尾斗鱼种群迅速减小,台湾省已将其列为保护动物,并进行了相关研究。Wang 等^[12]研究了台湾种群间的亲缘关系,Tzeng 等^[13]研究了台湾各产地和大陆 3 个种群的亲缘地理,对大陆地区不同水系叉尾斗鱼种群较全面的亲缘地理研究仍未见报道。

根据溯祖理论,单系遗传的线粒体 DNA (mtDNA) 是鱼类分子亲缘地理学研究的首选对象。利用鱼类 mtDNA 多态分析呈现在地理分布上的明显特征,可识别不同地域种群的系统发育情况及其与地理分布的关系^[14]。控制区(D-loop 区)作为 mtDNA 上进化速度最快的区域,广泛用于亲缘地理学研究。本文通过分析华南地区以珠江为主的 8 个流域叉尾斗鱼 mtDNA 控制区 3'端部分序列和临近 RNA 基因序列,研究不同群体的遗传变异,包括遗传多样性与种群分化,探讨其亲缘地理演化过程及种群动态,以期对叉尾斗鱼的保护和合理利用提供指导。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验样品主要来自中国淡水鱼地理区划中华南区的珠江亚区和浙闽亚区^[15],共 23 个采样点的 121 尾个体,采集地、流域、样本量和代号见表 1。样品活体尾柄静脉取血备用。

1.2 基因组 DNA 的提取、PCR 扩增及序列测定

血液样品按 TIANGEN 离心柱型基因组 DNA 提取试剂盒介绍的方法提取基因组 DNA,1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量。线粒体 DNA 控制区 PCR 扩增引物参考 Wang 等^[12],序列为 Pro-F1:5'-AACTCCATC-CTCAACTCCCAAAGC-3',Pre-R2:5'-GGGCATCTCACG GGGATGCG -3',分别位于控制区两端的 tRNA^{Pro} 基因

和 16SrRNA 基因上,由上海英骏生物技术有限公司合成。PCR 反应总体积为 50 μ L,反应体系为:模板 DNA (40—100ng/ μ L) 1.0 μ L,10 \times PCR Buffer(带 Mg^{2+})2.5 μ L,dNTPs(2.5mmol/L)0.4 μ L,Taq 酶(5U/ μ L)0.3 μ L,引物(20 pmol/ μ L)各 0.5 μ L,用灭菌双蒸水补足 25 μ L。反应程序:94 $^{\circ}$ C 预变性 4min,94 $^{\circ}$ C 变性 1min,65 $^{\circ}$ C 退火 1min,72 $^{\circ}$ C 延伸 1min,35 个循环后,72 $^{\circ}$ C 延伸 10min 后 4 $^{\circ}$ C 保存。PCR 产物用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测样品扩增情况,送上海英俊公司纯化和测序。

表 1 叉尾斗鱼样品采集地、流域、样本量和代号

Table 1 Sampling localities, basin, sample sizes and codes of the *Macropodus opercularis* samples

采集地点 Sample location	流域 Basin	样本量 Sample size	代号 Code	采集地点 Sample location	流域 Basin	样本量 Sample size	代号 Code
广东广州芳村	珠江(三角洲)	4	GZFC1—GZFC4	广东广州天河	珠江(三角洲)	6	GZTH1—GZTH6
广东番禺	珠江(三角洲)	5	PY1—PY5	广东从化	珠江(流溪河)	5	CH1—CH5
广东江门	珠江(西江)	3	JM1—JM4	广东阳山	珠江(北江)	4	YS1—YS4
广东英德	珠江(北江)	4	YD1—YD4	广东韶关	珠江(北江)	6	SG1—SG6
广东深圳	珠江(东江)	5	SZ1—SZ5	广东惠州	珠江(东江)	7	HZ1—HZ7
广西梧州	珠江(西江)	6	WZ1—WZ6	广西南宁	珠江(西江)	6	NN1—NN6
广西大新	珠江(西江)	3	DX1—DX3	广西罗城	珠江(西江)	5	LC1—LC5
广东高州	鉴江	7	GZ1—GZ7	广东阳江	漠阳江	8	YJ1—YJ8
江西吉安	长江(赣江)	7	JA1—JA7	广东五华	韩江	4	WH1—WH4
广东汕头	韩江	5	ST1—ST6	广东饶平	黄冈河	4	RP1—RP6
福建厦门	九龙江	6	XM1—XM6	福建福州	闽江	5	FZ1—FZ6
福建闽侯	闽江	6	MH1—MH6				

1.3 数据处理

用 Clustal X 1.81^[16] 软件对目标序列进行排序比对,所得结果参照测序图进行人工调整,生成供系统发育分析的矩阵。用 Mega4.0^[17] 软件统计序列碱基组成和差异、转换颠换数和遗传距离,用邻接法(NJ)构建系统进化树。利用 DNASP4.10^[18] 软件分析多态位点和 DNA 多态性,利用歧点分布分析种群历史。用 ARLEQUIN 3.11^[19] 软件计算种群内与种群间单倍型多样性与核苷酸多样性,进行分子变异(AMOVA)分析和 Tajima's D 检测。用 TCS 1.21^[20] 软件建立网状亲缘关系图,分析各种群之间的进化关系,并以此推论物种的迁移历史,以追溯单倍型间的亲缘关系与演化历史。

2 结果

2.1 遗传变异分析

所比较的叉尾斗鱼 121 个样品包括 322bp 控制区 3'端和临近 RNA 基因共 400bp 序列中,各地理群体的碱基变化不大,T、C、A 和 G 的平均含量分别为 27.3%、22.7%、35.8% 和 14.2%,其中 A + T 含量(63.1%)明显高于 C + G 含量(36.9%)。序列只有 13 个变异位点(12 个转换和 1 个颠换),占所分析碱基序列的 3.25%,未发现插入缺失。共有 11 个单倍型,碱基序列总的单倍型多样性和核苷酸多样性水平均较低(表 2),分别为 0.576 和 0.00818。群体内单倍型多样性以广州天河与梧州最高(皆为 0.733),核苷酸多样性以五华群体最高(0.00875)。珠江流域广州芳村、从化、江门、阳山、英德、韶关、深圳和大新,韩江流域汕头,黄冈河流域饶平,九龙江流域厦门和闽江流域福州与闽侯等 13 个群体内未发现变异位点,其他群体群体内变异位点有 1—8 个。

单倍型的地理分布见表 2,各群体的单倍型多样性水平较低(0—0.733)。珠江流域群体存在不与其他群体共享的独有单倍型,其中广州天河、番禺、梧州和大新各有 1 个,分别记为 GZTH、PY、WZ 和 DX,罗城和惠州各有 2 个,分别记为 LC1、LC2、HZ1 和 HZ2。单倍型 H1 和 H2 分布最广,H1 分布于珠江、鉴江、漠阳江和韩江流域的 23 个样品,H2 分布于本研究中除鉴江外的所有流域,共 75 个个体。单倍型 H3 为鉴江、漠阳江和长江流域群体所共享。浙闽亚区 4 流域 6 群体 30 个样品除韩江流域五华有 1 个样品为 H1 外其他样品皆为 H2。

表 2 叉尾斗鱼各群体单倍型和序列多样性及 Tajima's D 测试结果

Table 2 Haplotypes, diversity and Tajima's D statistics of *Macropodus opercularis* populations

群体 Populations	单倍型(n*) Haplotypes(n*)	变异位点数 Number of polymorphic sites	单倍型多样性 Haplotype diversity (h)	核苷酸多样性 Nucleotide diversity (π)	Tajima's D 检验 Tajima's D	Tajima's D 的 P 值 Tajima's D P-value
GZFC	H1(4)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
GZTH	H1(1) H2(3) GZTH(2)	8	0.733	0.00717	-1.07180	0.185
PY	H2(4) PY(1)	1	0.400	0.00100	-0.81650	0.289
CH	H2(5)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
JM	H2(3)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
YS	H1(4)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
YD	H2(4)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
SG	H2(6)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
SZ	H2(5)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
HZ	H2(5) HZ1(1) HZ2(1)	2	0.524	0.00143	-1.23716	0.110
WZ	H1(2) H2(1) WZ(3)	8	0.733	0.00733	-0.95963	0.192
NN	H1(3) H2(3)	7	0.600	0.01050	2.15336	0.998
DX	DX(3)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
LC	H1(3) LC1(1) LC2(1)	2	0.700	0.00200	-0.97256	0.213
GZ	H1(4) H3(3)	1	0.571	0.00143	1.34164	0.965
YJ	H1(1) H2(1) H3(6)	7	0.464	0.00438	-1.67405	0.020
JA	H2(6) H3(1)	6	0.286	0.00429	-1.52412	0.042
WH	H1(1) H2(3)	7	0.500	0.00875	-0.81734	0.143
ST	H2(5)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
RP	H2(4)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
XM	H2(6)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
FZ	H2(5)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
MH	H2(6)	0	0.000	0.000	0.000	1.000
		13	0.576	0.00818	-0.24253	0.702

* 表示单倍型的标本数

11 个单倍型间遗传距离和碱基差异见表 3。单倍型间遗传距离在 0.0025 到 0.023 之间,平均遗传距离为 0.0128。碱基差异在 1 个到 9 个之间,平均为 5 个。

表 3 叉尾斗鱼单倍型间遗传距离(下三角)和碱基差异(上三角)

Table 3 Genetic distance (below diagonal) and divergence (above diagonal) among haplotypes of *Macropodus opercularis*

	WZ	LC1	H1	DX	LC2	H3	GZTH	PY	HZ2	H2	HZ1
WZ		2	1	3	2	2	9	9	9	8	7
LC1	0.0050		1	3	2	2	9	9	9	8	7
H1	0.0025	0.0025		2	1	1	8	8	8	7	6
DX	0.0075	0.0075	0.0050		1	1	8	8	8	7	8
LC2	0.0050	0.0050	0.0025	0.0025		2	9	9	9	8	7
H3	0.0050	0.0050	0.0025	0.0025	0.0050		7	7	7	6	7
GZTH	0.0230	0.0230	0.0204	0.0203	0.0229	0.0178		2	2	1	2
PY	0.0230	0.0230	0.0204	0.0204	0.0230	0.0178	0.0050		2	1	2
HZ2	0.0230	0.0230	0.0204	0.0204	0.0230	0.0178	0.0050	0.0050		1	2
H2	0.0204	0.0204	0.0178	0.0178	0.0204	0.0152	0.0025	0.0025	0.0025		1
HZ1	0.0178	0.0178	0.0152	0.0204	0.0178	0.0178	0.0050	0.0050	0.0050	0.0025	

2.2 分支系统树与网络关系分析

用 Mega4.0 软件构建的叉尾斗鱼 123 个体邻接 (NJ) 分支系统树如图 1 所示。所有个体分成两个支系,系统树上方支系包含本研究中除鉴江外的所有流域的个体,下方支系包含鉴江所有个体,漠阳江和西江中上游大部分个体,北江和珠江三角洲部分个体,还有赣江和韩江的各一个个体。

单倍型最小进化网络显示单倍型并没有依采样地形成各自的分支 (clade), 而呈现出一个非典型星状的发散图 (图 2)。单倍型 H1 和 H2 占主导优势, 处于两个星的中央, 其他单倍型环绕它们, H1 通过 H3 以 6 步突变 (相差 6 个碱基) 与 H2 连接。除 H3 外的周围单倍型都是珠江流域的群体内独有单倍型, 其中西江中上游独有单倍型 WZ、LC1、LC2 和 DX 处于 H1 周围, 东江和珠江三角洲的独有单倍型 HZ1、HZ2、GZTH 和 PY 处于 H2 周围, 除 DX 外都以一步突变与中央单倍型相联。

单倍型的编码同表 2。长方形内的单倍型为主要单倍型, 其大小与单倍型的个数成比例的, 圆弧内单倍型为拓展单倍型。单倍型间的每一连线代表一个突变步骤。

2.3 分子变异分析 (AMOVA)

根据中国淡水鱼地理区划^[15], 将本研究叉尾斗鱼群体分为两个地理区, 赣江、珠江、鉴江和漠阳江为一个地理区, 韩江、黄冈河、九龙江和闽江为另一地理区。AMOVA 分析显示, 总遗传变异中, 地理区间的变异占 20.85%, 地理区内不同群体间的变异占 54.08%, 群体内的变异占 25.07% (表 4), 分子遗传变异主要来自地理区内群体间。

2.4 种群历史动态分析

利用歧点分布和 Tajima's D 中性检测测试叉尾斗鱼是否经历种群扩张, 分析其种群历史。叉尾斗鱼所有种群的检测中, 歧点分布呈显著左移双峰 (图 3), 在中性检测中 Tajima's D 为负值但不显著 (Tajima's D = -0.24253, P = 0.702), 显示从整体种群看, 叉尾斗鱼并未经历种群扩张。以珠江流域种群, 或东江、北江和珠江三角洲种群以及西江种群单独分析, 其歧点分布也都呈双峰, Tajima's D 皆大于 0, 未发生种群扩张。

3 讨论

3.1 遗传多样性

叉尾斗鱼广泛分布于华南地区, 本研究中的采样点之间的最远距离有 1300 多 km, 23 个采样点 121 个

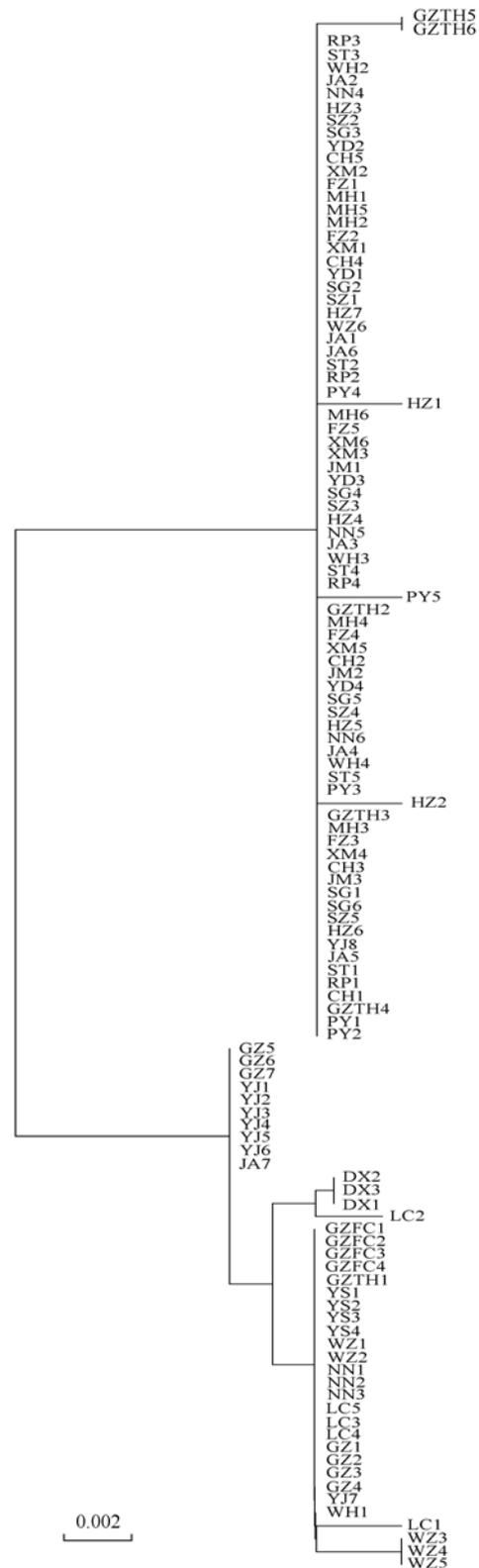


图 1 叉尾斗鱼 123 个体的邻接 (NJ) 树

Fig. 1 NJ tree of 123 individuals for *Macropodus opercularis* 枝端为样品代号, 取地名缩写加编号 (表 3-1), 标尺为基于 Kimura 双参数模型计算的相对遗传距离

表 4 叉尾斗鱼地理区间和群体间的分子变异分析 (AMOVA)

Table 4 AMOVA analysis for *Macropodus opercularis* among regions and populations

变异来源 Source of variation	自由度 df	平方和 Sum of squares	变异组成 Variance components	变异百分比 Percentage of variation
地理区间 Among regions	1	24.125	0.40195 Va ($P=0.05$)	20.85
地理区内群体间 Among populations within regions	21	124.959	1.04241 Vb ($P=0$)	54.08
群体内 Within populations	98	47.346	0.48313 Vc ($P=0$)	25.07
合计 Total	120	190.430	1.92749	

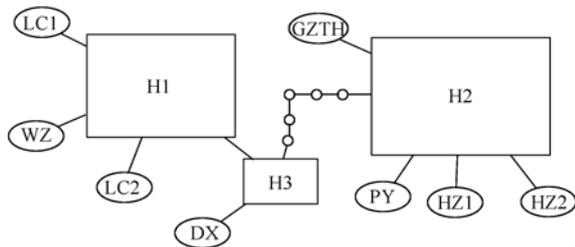


图 2 叉尾斗鱼单倍型最小进化网络关系

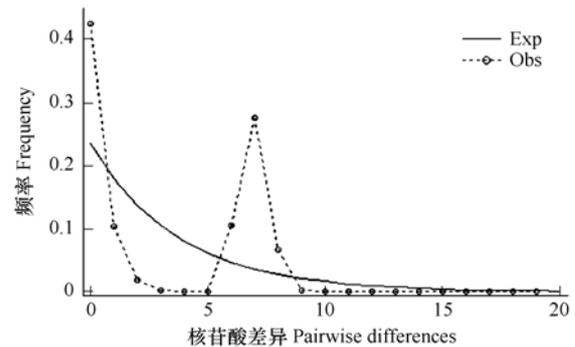
Fig. 2 Haplotypes minimum spanning network for *Macropodus opercularis*

图 3 以歧点分布检测叉尾斗鱼种群扩张结果

Fig. 3 Mismatch-distribution to test the expansion of *Macropodus opercularis*

实线表示预期歧点分布,虚线描述了观察的歧点分布

样品总共只有 11 个单倍型,单倍型多样性 h 和碱基多样性 π 都很低 ($h=0.576$, $\pi=0.00818$),单倍型间遗传距离在 0.005 到 0.023 之间(平均为 0.0128),碱基差异在 1 个到 9 个之间(平均为 5 个),表明叉尾斗鱼遗传多样性很低。这与 Tzeng 等^[13]的结果一致,他们研究叉尾斗鱼 mtDNA 控制区和部分 tRNA^{Phe} 基因,显示北江英德和韩江上杭种群共享一单倍型,与西江中上游都安种群 3 个单倍型的碱基差异仅为 12—14 个(1.3%—1.5%)。王培欣等^[21] *Cyt b* 全序列分析表明叉尾斗鱼北江和韩江种群样品间最大遗传距离仅 0.0061,差异碱基 7 个。与之类似,Wang 等^[12]对圆尾斗鱼控制区的研究表明相距近 2000km 的浙江和吉林两地种群遗传距离不到 0.01。有效繁育群体减小是群体遗传多样性水平低的重要原因,因其会加剧近亲繁殖的几率,最终导致群体单倍型数量缩减^[22]。叉尾斗鱼喜栖息于静水河沟、池塘、稻田中,栖息地水体小而不稳定,导致叉尾斗鱼容易受到干旱和寒冷等恶劣气候和人类活动的影响,使其栖息地片断化甚至大量丧失,种群数量急剧减少,导致有效繁育群体减小,某些稀有等位基因丧失而降低遗传多样性。

叉尾斗鱼种群遗传多样性存在地理差异,西江中上游、东江、珠江三角洲、赣江、鉴江和漠阳江种群遗传多样性较高,北江、韩江、黄冈河、九龙江和闽江种群遗传多样性很低。在淡水鱼类,种群遗传多样性存在地理差异这一现象被大量观察到,最普遍的解释是种群受到瓶颈效应的打击,后又受到创立者效应的影响,导致某些种群遗传多样性贫乏^[23]。

3.2 亲缘地理格局

本研究叉尾斗鱼分支系统树显示,各流域的个体呈现一种混杂的分布格局,并且没有检测到与采样地点严格对应的分支,无法依地理区或河系分群,没有形成明显的系统地理结构,显示本研究叉尾斗鱼种群可能正处于谱系重排的状态。一般而言,处于谱系重排有两个原因,一是种群间有基因交流,二是种群间有隔离但隔离分化的时间不够长^[24]。叉尾斗鱼缺乏比较明显的按地理单元划分的地理分布格局反应了采集地点之间存在频繁的基因交流。叉尾斗鱼适应力极强,水深只要淹没鳃盖就能存活,性成熟早,繁殖期雄鱼具护卵及护幼行为,种群在适宜条件下可快速增长和扩散,并显示浅分化和低多样性^[13]。

叉尾斗鱼单倍型最小进化网络显示单倍型并没有依采样地形成各自的分支,而呈现出一个非典型星状图。星状最小进化网络图在海水鱼类中较普遍,台湾石宾(*Acrossocheilus paradoxus*)^[25]、何氏棘鲃(*Spinibarbus hollandi*)^[24]、黄颡鱼和瓦氏黄颡鱼(*P. vachelli*)^[26]等淡水鱼类也存在这种情况。Posada 和 Crandall^[27]认为较古老的单倍型(在种群中有很高的频率)有较高的可能成为内枝单倍型,并趋向于有更广泛的地理分布,推测单倍型 H1 和 H2 很可能是祖先单倍型。两者在地理分布上并没有严格分开,存在相互过渡的区域,但 H1 通过 H3 以 6 步突变与 H2 连接,并未观测到 H3 与 H2 之间的中间单倍型。单倍型的分布模式和网络关系图表明叉尾斗鱼现有群体很可能有两个起源。进化历史上的偶然事件形成了瓶颈效应或奠基者效应,即原有种群剧烈缩减,只有孤立分布的少数个体存活下来,H1 和 H2 代表两个分布区不重叠的祖先单倍型,经过扩散相互接触,在这过程中分别衍生出其他单倍型。H1 衍生出的单倍型位于西江中上游,H2 衍生出的单倍型位于东江和珠江三角洲,推测 H1 和 H2 可能分别从珠江流域广西中部和广东中部地区开始扩散,西江中上游、东江和珠江三角洲种群因进化时间较长积累了一些突变生成新单倍型。单倍型 H3 未在珠江流域出现,而分布于其南部的鉴江和漠阳江以及北部的赣江,暗示鉴江、漠阳江和长江水系可能曾通过珠江互相联系。浙闽亚区 4 流域几乎所有样品都为单倍型 H2,推测可能是福建和粤东地区水系因地理距离较近且相互之间没有明显地理障碍,过去可能因河川袭夺或洪水泛滥为叉尾斗鱼的快速扩散提供了条件。

AMOVA 分析被广泛应用于建立在岛屿模型基础上描述目前的种群结构和基因流,了解变异的分布是否受到地理屏障的影响^[28]。本研究 AMOVA 分析显示,叉尾斗鱼分子遗传变异主要来自地理区内群体间,表明叉尾斗鱼的遗传分化主要是由于水系的隔离以及各流域群体内的遗传分化所致,而莲花山脉及分隔东江和韩江的山脉对其隔离和分化并未起到有效的地理屏障作用。

3.3 种群历史动态

叉尾斗鱼所有种群歧点分布呈显著左移双峰,Tajima's D 为负值但不显著,根据 Kimura 分子进化中性学说其序列的变化符合中性突变,显示从整体种群看叉尾斗鱼并未经历种群扩张。以珠江流域种群,或东江、北江和珠江三角洲种群以及西江种群单独分析,亦显示没发生种群扩张。此外,Grant 和 Browen^[29]提出利用单倍型多样性(h)与核苷酸多样性(π)的变异推测种群间发生的事件,将二者之间的关系分为 4 个模式。本研究叉尾斗鱼单倍型多样性(h)与核苷酸多样性(π)的变异均低,可能是因为最近发生的种群瓶颈效应或由单一、少数系群所发生的创立者效应。值得注意的是,叉尾斗鱼最小进化网络图大致呈星状,而具有星状网络图常反映种群发生过种群扩张,这表明叉尾斗鱼在地质年代上发生过种群扩张,但其最近经历的种群变动并不为其网络图所反映。

叉尾斗鱼虽适应力强但栖息于极易受人类活动影响的水域,随着经济发展和城市化建设,原有栖息地急剧缩减,环境污染也严重破坏其生境,致使种群迅速减小。此外,叉尾斗鱼作为一种观赏价值很高的鱼类,在某些地区经常被大量捕捉投放市场,这无疑加剧本已减少的叉尾斗鱼种群的消耗。这可能造成叉尾斗鱼遭受足以种群历史动态分析所反映的严重瓶颈效应,所以对其采取适当保护措施是很必要的。

References:

- [1] Qiu C F, Lin Y G, Qing N, Zhao J, Chen X L. Genetic variation and phylogeography of *Micronoemacheilus pulcher* populations among drainage systems between western South China and Hainan Island. *Acta Zoologica Sinica*, 2008, 54(5): 805-813.
- [2] Salzburger W, Brandstatter A, Gilles A, Parson W, Hempel M, Sturmhuber C, Meyer A. Phylogeography of the vairone (*Leuciscus souffia*, Risso 1826) in Central Europe. *Molecular Ecology*, 2003, 12(9): 2371-2386.
- [3] Bermingham E, Martin A P. Comparative mtDNA phylogeography of neotropical freshwater fishes: testing shared history to infer the evolutionary landscape of lower Central America. *Molecular Ecology*, 1998, 7(4): 499-517.
- [4] Durand J D, Persat H, Bouvet Y. Phylogeography and postglacial dispersion of the chub (*Leuciscus cephalus*) in Europe. *Molecular Ecology*, 1999, 8(6): 989-997.
- [5] Hsu K C, Tsai K C, Shao K T, Wang J P, Lin H D. Phylogeography and population genetic structure of *Sinibrama macrops* based on mtDNA. *BioFormosa*, 2005, 40(2): 58-67.
- [6] Wakiyama A, Kohno H, Taki Y. Genetic relationships of anabantoid fishes. *Journal of the Tokyo University of Fisheries*, 1997, 83(1/2): 93-102.

- [7] Meng Q W, Su J X, Liao X Z. Fish Taxonomy. Beijing: China Agriculture Press, 1995.
- [8] Liu H Z, Zhu Y R. Genetic diversity and biogeographical process of *Acheilognathus macropterus* revealed by sequence variations of mitochondrial cytochrome b gene. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2006, 32(2): 134-140.
- [9] Tang Q Y, Yang X P, Liu H Z. Biogeographical process of *Spinibarbus caldwelli* revealed by sequence variations of mitochondrial cytochrome b gene. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2003, 27(4): 352-365.
- [10] Qing N, Qiu C F, Liao W Q, Ma T F, Liang X X, Lie J N. Population genetic variations and phylogeography of *Micronoemacheilus pulcher* Nichols based on mtDNA control region. *Acta Ecologica Sinica*, 2010(1): 258-264.
- [11] Kuang Y Y, Tong G X, Yin J S, Li C T, Cao D C, Sun X W. Genetic structure of *Hucho taimen* (Pallas) from Heilongjiang River as inferred from mtDNA sequence. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(9): 4630-4639.
- [12] Wang T Y, Tzeng C S, Shen S C. Conservation and phylogeography of Taiwan paradise fish, *Macropodus opercularis* Linnaeus. *Acta Zoologica Taiwanica*, 1999, 10(2): 121-134.
- [13] Tzeng C, Lin Y, Lin S, Wang T Y, Wang F Y. The phylogeography and population demographics of selected freshwater fishes in Taiwan. *Zoological Studies*, 2006, 45(3): 285-297.
- [14] Zhu X L, Wang Z Y, Chen M R. Study of phylogeography and its application on fish. *Journal of Zhejiang Ocean University: Natural Science*, 2006, 25(2): 183-191.
- [15] Li S Z. Studies on Zoogeographical Divisions for Fresh Water Fishes of China. Beijing: Science Press, 1981.
- [16] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25(24): 4876-4882.
- [17] Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24(8): 1596-1599.
- [18] Rozas J, Sanchez Delbarrio J C, Messeguer X, Rozas R. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 2003, 19(18): 2496-2497.
- [19] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2005, 1: 47-50.
- [20] Clement M, Posada D, Crandall K A. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 2000, 9(10): 1657-1659.
- [21] Wang P X, Luo J R, Bai J J, Ye X, Hu Y C, Wang X J. Cytochrome b complete sequences and RAPD analysis of the phylogenetic relationships among genus *Macropodus*. *Chinese Journal of Zoology*, 2009, 44(5): 14-23.
- [22] Wang D Y, Ding S X, Guo F, Wang J, Su Y Q, Fang Q S, Wang H S. Genetic structure and geographic subdivision of orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*) in coastal waters of Southeast China. *Chinese High Technology Letters*, 2008, 18(3): 324-329.
- [23] Billington N, Hebert P D N. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1991, 48(suppl. 1): 80-94.
- [24] Lin H D. Phylogeography of cyprinidae fishes in Taiwan and mainland China. Tainan: National Cheng Kung University, 2008.
- [25] Wang J P, Hsu K C, Chiang T Y. Mitochondrial DNA phylogeography of *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) in Taiwan. *Molecular Ecology*, 2000, 9(10): 1483-1494.
- [26] Ding Y W. Molecular phylogenetics and population genetic structure of genus *Pelteobagrus* (Teleostei, Bagridae). Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2005.
- [27] Posada D, Crandall K A. Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology & Evolution*, 2001, 16(1): 37-45.
- [28] Liu Z Q. The composition of mitochondrial genome and phylogeography of the rice frog from China, *Fejervarya limnochari*. Nanjing: Nanjing Normal University, 2003.
- [29] Grant W A S, Bowen B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *The Journal of Heredity*, 1998, 89: 415-426.

参考文献:

- [1] 丘城锋, 林岳光, 庆宁, 赵俊, 陈湘舜. 华南西部及海南岛美丽小条鳅种群遗传变异与亲缘地理. *动物学报*, 2008, 54(5): 805-813.
- [5] 许桂菁, 蔡昆展, 邵广昭, 王建平, 林弘都. 大眼华鳊亲缘地理与族群遗传结构之研究. *生物学报*, 2005, 40(2): 58-67.
- [7] 孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖. 鱼类分类学. 北京: 中国农业出版社, 1995.
- [8] 刘焕章, 朱玉蓉. 大鳍鱮基于细胞色素 b 基因序列的遗传变异及生物地理过程. *水生生物学报*, 2006, 32(2): 134-140.
- [9] 唐琼英, 杨秀平, 刘焕章. 刺鲃基于线粒体细胞色素 b 基因的生物地理学过程. *水生生物学报*, 2003, 27(4): 352-356.
- [10] 庆宁, 丘城锋, 廖伟群, 马天峰, 梁晓旭, 列金妮. 华南沿海西部美丽小条鳅基于线粒体控制区的种群遗传变异及亲缘地理格局. *生态学报*, 2010(1): 258-264.
- [11] 匡友谊, 佟广香, 尹家胜, 李池陶, 曹顶臣, 孙效文. 线粒体序列分析黑龙江流域哲罗鲑的种群遗传结构. *生态学报*, 2009, 29(9): 4630-4639.
- [14] 朱雪莲, 王志勇, 陈明茹. 系统地理学的研究及其在鱼类上的应用. *浙江海洋学院学报: 自然科学版*, 2006, 25(2): 183-191.
- [15] 李思忠. 中国淡水鱼类的分布区划. 北京: 科学出版社, 1981.
- [21] 王培欣, 罗建仁, 白俊杰, 叶星, 胡隐昌, 汪学杰. 斗鱼属鱼类亲缘关系的 Cyt b 基因序列和 RAPD 分析. *动物学杂志*, 2009, 44(5): 14-23.
- [22] 王登玉, 丁少雄, 郭丰, 王军, 苏永全, 方琼珊, 王涵生. 中国东南近海斜带石斑鱼群体的地理分化和遗传结构研究. *高技术通讯*, 2008, 18(3): 324-329.
- [24] 林弘都. 台湾与中国大陆地区鲤科鱼类之亲缘地理研究. 台南: 国立成功大学, 2008.
- [26] 丁言伟. 黄颡鱼属(硬骨鱼纲, 鲿科)鱼类分子系统发育及种群遗传结构的研究. 武汉: 华中农业大学, 2005.
- [28] 刘忠权. 中国泽蛙线粒体基因组结构及种群系统地理学研究. 南京: 南京师范大学, 2003.

CONTENTS

Sex ratio and spatial pattern in *Populus davidiana* in Changbai Mountain PAN Chunfang, ZHAO Xiuhai, XIA Fucui, et al (297)

The relationship between freeze-tolerance and changes in activities of antioxidant enzymes and osmolyte content in the leaves of white clover during early winter freeze-thaw cycles ZHAO Mei, ZHOU Ruilian, LIU Jianfang, et al (306)

Gray correlation analysis on naturalness of the primary forest types on the Losses Plateau WANG Naijiang, LIU Zengwen, XU Zhao, et al (316)

Photosynthetic responses of *Gracilaria lemaneiformis* to two antibiotics JIAN Jianbo, ZOU Dinghui, LIU Wenhua, et al (326)

Litter C:N:P ecological stoichiometry character of plant communities in typical Karst Peak-Cluster Depression PAN Fujing, ZHANG Wei, WANG Kelin, et al (335)

Effects of groundwater depth on the gas exchange and chlorophyll fluorescence of *Populus euphratica* in the lower reaches of Tarim River CHEN Yapeng, CHEN Yaning, XU Changchun, et al (344)

Monitoring and assessment of vegetation variation in Northern Shaanxi based on MODIS/NDVI SONG Fuqiang, XING Kaixiong, LIU Yang, et al (354)

Effects of fire on the structure of herbage synusia vegetation in desertified steppe, North China HE Haoyu, SU Jieqiong, HUANG Lei, et al (364)

Physiological responses of four broadleaved seedlings to drought stress simulated by PEG FENG Huifang, XUE Li, REN Xiangrong, et al (371)

Effects of the different width of urban green belts on the temperature and humidity ZHU Chunyang, LI Shuhua, JI Peng, et al (383)

Diversity of waterbirds and change in home range of bar-headed geese *Anser indicus* during breeding period at Hangcuo Lake of Tibet, China ZHANG Guogang, LIU Dongping, QIAN Fawen, et al (395)

The habitat selection of Giant panda in Wanglang Nature Reserve, Sichuan Province, China KANG Dongwei, KANG Wen, TAN Liuyi, et al (401)

Effects of vigilance on the patterns of functional responses of foraging in voles (*Microtus fortis*) TAO Shuanglun, YANG Xifu, DENG Kaidong, et al (410)

Influence of heavy metal pollution on soil animal community in Luqiao, Taizhou City BAI Yi, SHI Shidi, QI Xin, et al (421)

Annual quantitative distribution of meiofauna in relation to sediment environment in Qingdao Bay DU Yongfen, XU Kuidong, LEI Yanli, et al (431)

Population genetic variations and phylogeography of *Macropodus opercularis* WANG Peixin, BAI Junjie, HU Yinchang, et al (441)

Contribution of C₃ and C₄ host plants for the overwintering and 1st generation of *Helicoverpa armigera* (Hübner) in Northern China YE Lefu, FU Xue, GE Feng (449)

Relationships between two species of insect pests and their natural enemies in tea gardens of three different altitudes BI Shoudong, KE Shengbing, XU Jinfeng, et al (455)

The diversity of ground-dwelling beetles at cultivated land and restored habitats on the Bashang plateau LIU Yunhui, YU Zhenrong, WANG Changliu, et al (465)

Characteristics of soil microbial communities under dry and wet condition in Zoige alpine wetland NIU Jia, ZHOU Xiaoqi, JIANG Na, et al (474)

Microbial diversity of the jujube (*Zizyphus jujuba* Mill.) fruits surface during harvesting and storage stages SHA Yuexia (483)

Effects of powdery mildew infection on zucchini growth under elevated CO₂ and temperature LIU Junzhi, GE Yaming, Pugliese Massimo, et al (491)

Impacts of arbuscular mycorrhizal fungi on soil aggregation dynamics of neutral purple soil PENG Sili, SHEN Hong, YUAN Junji, et al (498)

The bacterial community structures in Xinjiang fault belt spring analyzed by PCR-DGGE WU Jiangchao, GAO Xiaoqi, ZENG Jun, et al (506)

The impact of oil pollution on marine phytoplankton community growth change HUANG Yijun, CHEN Quanzhen, ZENG Jiangning, et al (513)

Root morphological and physiological responses of rice seedlings with different tolerance to cadmium stress HE Junyu, REN Yanfang, WANG Yangyang, et al (522)

Non-point pollution control for landscape conservation analysis based on CLUE-S simulations in Miyun County PAN Ying, LIU Yunhui, WANG Jing, et al (529)

Analysis on ecological land rent based on ecological footprint LONG Kaisheng, CHEN Ligen, ZHAO Yali (538)

Relationship of vegetation degradation classification and landscape accessibility classification in Shenzhen LIU Yufan, CHEN Xue, LI Guicai, et al (547)

Review and Monograph

Risk management approaches for environmental and human health risks in the United States and Canada HE Guizhen, LÜ Yonglong (556)

Plant wax and its response to environmental conditions: an overview LI Jingjing, HUANG Junhua, XIE Shucheng (565)

Acid corrosion mechanism of the sulfate-reducing bacteria and protecting studies in oilfield ZHUANG Wen, CHU Liye, SHAO Hongbo (575)

Advance in the research of phyllospheric microorganism PAN Jiangang, HU Qing, QI Hongyan, et al (583)

2009 年度生物学科总被引频次和影响因子前 10 名期刊*

(源于 2010 年版 CSTPCD 数据库)

排序 Order	期刊 Journal	总被引频次 Total citation	排序 Order	期刊 Journal	影响因子 Impact factor
1	生态学报	11764	1	生态学报	1.812
2	应用生态学报	9430	2	植物生态学报	1.771
3	植物生态学报	4384	3	应用生态学报	1.733
4	西北植物学报	4177	4	生物多样性	1.553
5	生态学杂志	4048	5	生态学杂志	1.396
6	植物生理学通讯	3362	6	西北植物学报	0.986
7	JOURNAL OF INTEGRATIVE PLANT BIOLOGY	3327	7	兽类学报	0.894
8	MOLECULAR PLANT	1788	8	CELL RESEARCH	0.873
9	水生生物学报	1773	9	植物学报	0.841
10	遗传学报	1667	10	植物研究	0.809

★《生态学报》2009 年在核心版的 1964 种科技期刊排序中总被引频次 11764 次,全国排名第 1;影响因子 1.812,全国排名第 14;第 1—9 届连续 9 年入围中国百种杰出学术期刊;中国精品科技期刊

编辑部主任:孔红梅

执行编辑:刘天星 段 靖

生态学报
(SHENGTAI XUEBAO)
(半月刊 1981 年 3 月创刊)
第 31 卷 第 2 期 (2011 年 1 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 31 No. 2 2011

编 辑 《生态学报》编辑部
地址:北京海淀区双清路 18 号
邮政编码:100085
电话:(010)62941099
www.ecologica.cn
shengtaixuebao@rcees.ac.cn

主 编 冯宗炜
主 管 中国科学技术协会
主 办 中国生态学会
中国科学院生态环境研究中心
地址:北京海淀区双清路 18 号
邮政编码:100085

出 版 科 学 出 版 社
地址:北京东黄城根北街 16 号
邮政编码:100717

印 刷 北京北林印刷厂
发 行 科 学 出 版 社
地址:东黄城根北街 16 号
邮政编码:100717
电话:(010)64034563
E-mail:journal@cspg.net

订 购 全国各地邮局
国外发行 中国国际图书贸易总公司
地址:北京 399 信箱
邮政编码:100044

广告经营 京海工商广字第 8013 号
许 可 证

Edited by Editorial board of
ACTA ECOLOGICA SINICA
Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
Tel:(010)62941099
www.ecologica.cn
Shengtaixuebao@rcees.ac.cn

Editor-in-chief FENG Zong-Wei
Supervised by China Association for Science and Technology
Sponsored by Ecological Society of China
Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS
Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China

Published by Science Press
Add:16 Donghuangchenggen North Street,
Beijing 100717, China

Printed by Beijing Bei Lin Printing House,
Beijing 100083, China

Distributed by Science Press
Add:16 Donghuangchenggen North
Street, Beijing 100717, China
Tel:(010)64034563
E-mail:journal@cspg.net

Domestic All Local Post Offices in China
Foreign China International Book Trading
Corporation
Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China



ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 70.00 元