

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

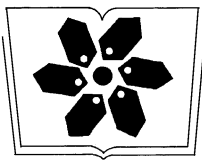
Acta Ecologica Sinica



第 31 卷 第 15 期 Vol.31 No.15 **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 15 期

2011 年 8 月 (半月刊)

目 次

地面节肢动物营养类群对土地覆被变化和管理扰动的响应·····	李锋瑞,刘继亮,化伟,等 (4169)
两种书虱微卫星富集文库的构建及比较·····	魏丹丹,袁明龙,王保军,等 (4182)
菲律宾蛤仔 EST-SSRs 标记开发及不同地理群体遗传多样性·····	闫喜武,虞志飞,秦艳杰,等 (4190)
菲律宾蛤仔大连群体不同世代的遗传多样性·····	虞志飞,闫喜武,杨霏,等 (4199)
玻璃温室与田间栽培小麦幼穗分化的比较·····	姜丽娜,赵艳岭,邵云,等 (4207)
施用有机肥环境下盐胁迫小麦幼苗长势和内源激素的变化·····	刘海英,崔长海,赵倩,等 (4215)
黄土高原半干旱区气候变化对春小麦生长发育的影响——以甘肃定西为例·····	姚玉璧,王润元,杨金虎,等 (4225)
不同耕作模式下稻田水中氮磷动态特征及减排潜力·····	冯国禄,杨仁斌 (4235)
大田环境下转 Bt 基因玉米对土壤酶活性的影响·····	颜世磊,赵蕾,孙红炜,等 (4244)
短期淹水培养对水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌丰度的影响·····	朱超,Stefan Ratering,曲东,等 (4251)
气候变化背景下广东晚稻播期的适应性调整·····	王华,陈新光,胡飞,等 (4261)
长期封育对不同类型草地碳贮量及其固持速率的影响·····	何念鹏,韩兴国,于贵瑞 (4270)
黄土丘陵区两种主要退耕还林树种生态系统碳储量和固碳潜力·····	刘迎春,王秋凤,于贵瑞,等 (4277)
植物叶表面的润湿性及其生态学意义·····	石辉,王会霞,李秧秧 (4287)
长白山北坡主要森林群落凋落物现存量月动态·····	郑金萍,郭忠玲,徐程扬,等 (4299)
古尔班通古特沙漠及周缘 52 种植物种子的萌发特性与生态意义·····	刘会良,宋明方,段士民,等 (4308)
吉首蒲儿根的繁殖生态学特性及其濒危成因·····	邓涛,陈功锡,张代贵,等 (4318)
栖息地永久性破坏的比例对物种多度稳定值影响的迭代算法·····	时培建,戈峰,杨清培 (4327)
喷施多效唑提高麻疯树幼苗耐盐性的生理机制·····	毛轶清,郑青松,陈健妙,等 (4334)
阿尔山落叶松主要蛀干害虫的种群空间生态位·····	袁菲,骆有庆,石娟,等 (4342)
2009 年云南省白背飞虱早期迁入种群的虫源地范围与降落机制·····	沈慧梅,吕建平,周金玉,等 (4350)
中华稻蝗长沙种群的生活史及其卵滞育的进化意义·····	朱道弘,张超,谭荣鹤 (4365)
“518”油桃主要害虫与其捕食性天敌的关系·····	施晓丽,毕守东,耿继光,等 (4372)
青藏东缘若尔盖高寒草甸中小型土壤动物群落特征及季节变化·····	张洪芝,吴鹏飞,杨大星,等 (4385)
青海可鲁克湖水鸟季节动态及渔鸥活动区分析·····	张国钢,刘冬平,侯韵秋,等 (4398)
排放与森林碳汇作用下云南省碳净排放量估计·····	刘慧雅,王铮,马晓哲 (4405)
北京城市生态占水研究·····	柏樱岚,王如松,姚亮 (4415)
专论与综述	
植物水分传输过程中的调控机制研究进展·····	杨启良,张富仓,刘小刚,等 (4427)
环境介质中的抗生素及其微生物生态效应·····	俞慎,王敏,洪有为 (4437)
自然生态系统中的厌氧氨氧化·····	沈李东,郑平,胡宝兰 (4447)
研究简报	
山东半岛南部海湾底栖动物群落生态特征及其与水环境的关系·····	张莹,吕振波,徐宗法,等 (4455)
新疆乌伦古湖浮游甲壳动物的季节演替及与环境因子的关系·····	杨丽丽,周小玉,刘其根,等 (4468)
不同施肥与灌水量对槟榔土壤氮挥发的影响·····	卢丽兰,甘炳春,许明会,等 (4477)
学术信息与动态	
水土资源保持的科学政策:全球视野及其应用——第 66 届美国水土保持学会国际学术年会述评·····	卫伟 (4485)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 320 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 34 * 2011-08



封面图说: 塞罕坝地处内蒙古高原南缘向华北平原的过渡带,地势分为坝上、坝下两部分。解放初期,这里是“飞鸟无栖树,黄沙遮天日”的荒原沙丘,自 1962 年建立了机械化林场之后,塞罕坝人建起了 110 多万亩人工林,造就了中国最大的人工林林场。这是让人叹为观止的落叶松人工林海。

彩图提供: 陈建伟教授 国家林业局 E-mail: cites.chenjw@163.com

虞志飞, 闫喜武, 杨霏, 王金海, 张跃环, 杨凤, 张国范. 菲律宾蛤仔大连群体不同世代的遗传多样性. 生态学报, 2011, 31(15): 4199-4206.

Yu Z F, Yan X W, Yang F, Wang J H, Zhang Y H, Yang F, Zhang G F. Genetic diversity of different generations of the Dalian population of Manila clam *Ruditapes philippinarum* through selective breeding. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(15): 4199-4206.

菲律宾蛤仔大连群体不同世代的遗传多样性

虞志飞¹, 闫喜武^{1,*}, 杨 霏¹, 王金海¹, 张跃环¹, 杨 凤¹, 张国范²

(1. 大连海洋大学 生命科学与技术学院, 辽宁 大连 116023; 2. 中国科学院海洋研究所, 山东 青岛 266071)

摘要: 采用 12 对有效微卫星引物对大连群体菲律宾蛤仔连续 4 个选育世代(F_1 、 F_2 、 F_3 、 F_4) 的 144 个个体进行了遗传多样性分析。结果表明: 共获 121 个等位基因, 每个位点的等位基因数在 2—6 个不等, 其大小在 101—273 bp 之间; 各个世代平均等位基因数在 3.75—4.58, 平均观测杂合度在 0.3391—0.3860 之间。从 F -检验结果上看, 所有世代内有 2 个位点遗传分化较弱, 8 个位点遗传分化中等, 2 个位点遗传分化较大; 配对比较 F_{st} 值(0.05—0.15) 表明 4 个世代群体间遗传分化程度中等。 F_{is} 值表明有 2 个世代位点杂合度处于过剩状态; 但对连续 4 个世代而言, 每个世代均表现出一定程度的杂合子缺失。随着世代连续选育的进行, Nei 氏遗传相似性逐渐减小(0.8203-0.8107-0.8031); 遗传距离逐渐增大(0.1918-0.2099-0.2129); 不同世代群体间遗传相似性系数为 0.7873—0.8685, 遗传距离为 0.141—0.2391。4 个世代平均 PIC 值为 0.5055, 表明选育后代遗传多样性较好, 还有较大的选育潜力, 可以继续上进行选。

关键词: 菲律宾蛤仔; 微卫星; 遗传多样性; 遗传分化

Genetic diversity of different generations of the Dalian population of Manila clam *Ruditapes philippinarum* through selective breeding

YU Zhifei¹, YAN Xiwu^{1,*}, YANG Fei¹, WANG Jinhai¹, ZHANG Yuehuan¹, YANG Feng¹, ZHANG Guofan²

1 The Institute of Life Science and Technology, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China

2 Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China

Abstract: The present study examined the genetic structure and variation among different generations of Manila clam *Ruditapes philippinarum* obtained through selective breeding by using 12 microsatellite markers. Four consecutive generations (F_1 , F_2 , F_3 , and F_4) were selected with 10% selection intensity from a wild population from Shihe, Dalian (Liaoning Province, China). Thirty six individuals were sampled from each generation. Among the 12 microsatellite loci, 121 alleles were detected. The number of alleles on each locus varied from 2 to 6 and the allele size ranged from 101 to 273 bp. Each generation had average effective alleles of 3.75—4.58 and average observed heterozygosity of 0.3391—0.3860. Based on P values of genotypes, all four generations deviated from the Hardy-Weinberg equilibrium with varying degrees. Of the 48 generation $\times$ locus combinations (4 generations $\times$ 12 loci), 27 of which were not in an equilibrium state. Except the locus Asari24, all polymorphic loci had positive inbreeding coefficients (F_{is}), indicating that high degree of inbreeding existed in all four generations. The inter-generation fixation indices (F_{st}) varied from 0.0338 to 0.2136 and there was significant genetic differentiation among the 12 polymorphic loci. The F-statistics showed that among all generations two loci had weak genetic differentiation, eight loci had moderate, and the remaining two loci had high genetic differentiation. Pairwise F_{st} values ranged from 0.05 to 0.15, which also indicated that the clam had moderate genetic differentiation among the generations. Based on the F_{is} values, two out of four generations exhibited heterozygote excess, but all the generations in sequence showed some

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项资金资助(CARS-48)

收稿日期: 2010-12-01; 修订日期: 2011-04-26

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yanxiwu2002@163.com

degree of heterozygote deficiency. The *Nei*'s genetic similarity decreased (0.8203→0.8107→0.8031) and genetic distance increased (0.1918→0.2099→0.2129) from one generation to the next through selective breeding. The genetic similarity coefficients among the different generations ranged from 0.7873 to 0.8685, and genetic distance varied from 0.141 to 0.2391. These results demonstrated that there was moderate genetic differentiation among the four generations. In the present study, overall average polymorphism information content (PIC) of 0.5055 was observed, indicating that there is great potential for future selections of Manila clam through selective breeding.

Key Words: *Ruditapes philippinarum*; microsatellite; genetic diversity; genetic differentiation

菲律宾蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)广泛分布在我国南北沿海,是我国四大养殖贝类之一。其生长迅速,养殖周期短,适应性强,是一种适合于人工高密度养殖的优良贝类。作为单产最高的经济软体动物,其2009年产量300多万吨,约占海水养殖贝类产量的30%,近海水养殖总产量20%,世界蛤仔总产量90%以上^[1]。混合选择是从原有品种的群体中,按照选育目标选出多数表型性状优良的个体,通过自由交配繁殖后代,并以原有品种和当地品种作为对照,进行比较鉴定来选择的方法^[2]。由于操作简便,易于推广,广泛的应用在植物和陆生动物的品种改良上,通过连续的混合选择,可以得到生长快、抗逆性强、出肉率高、产量高的养殖良种。目前,对水产动物而言,连续混合选择主要应用在鱼类^[3]育种上,对贝类的研究有一些相关报道,如牡蛎^[4-5]、海湾扇贝^[6-7]、珍珠贝^[8]、菲律宾蛤仔^[9]等。

从分子水平上看,已有研究报道认为经选育后的子代群体其遗传多样性与亲本群体相比往往要降低^[10-14]。因此,选育过程中,在进行表型性状监测工作的同时,应对选育群体遗传结构的变化进行分析。随着分子生物学技术的发展,相继开发出 RAPD、AFLP、ISSR、SSR 和 SNP 等多种分子标记技术,这些分子标记技术为生物遗传结构的评估提供了新的途径。微卫星(*microsatellite*)具有多态信息含量大、重复性好、基因座位数目大、共显性遗传、突变率高等优点,因而被广泛应用于动植物种群的遗传多样性研究。有关菲律宾蛤仔群体同工酶分析^[15]、遗传多样性 AFLP 分析^[16]和 28S rRNA 分析^[17]等已有研究,但尚未有菲律宾蛤仔世代选育群体遗传多样性分析的报道。本研究利用 SSR 技术分析选育群体 4 个世代遗传多样性的变化,旨在从分子水平上探讨选育对菲律宾蛤仔养殖群体遗传结构的影响,为蛤仔种质资源的保护和可持续利用,以及为有效地开展遗传育种研究提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

菲律宾蛤仔选育基础群为大连石河近海的野生蛤仔,从2006年起,开始按照10%的选择强度,进行上选,每个世代选择周期为1a^[1]。样品从每个世代上选组中随机选取36个,分别命名为F₁、F₂、F₃、F₄。活体运回后保存在-80℃下保存备用。

1.2 实验方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取与检测

用常规的苯酚/氯仿/异戊醇法^[18]抽提DNA,F₁、F₂、F₃、F₄分别提取36个DNA样品,挑选质量好的DNA将浓度稀释至50ng/μL,置于-20℃保存备用。

1.2.2 PCR 扩增

引物来源:前6条引物为本实验室开发获得^[19];后6条引物为Yasuda N等^[20]开发所得。

PCR反应体系:总体积为25μL,其中模板DNA1μL,10×PCR Buffer 2.5μL,Taq 酶0.2μL,上、下游引物各1μL,dNTP 混合物0.5μL,用ddH₂O补足至25μL。

PCR反应程序:94℃预变性5min;然后94℃变性1min;50—58℃退火1min;72℃延伸40s;30个循环;72℃延伸10min;4℃保存。

扩增产物的检测:PCR 产物在 8% 非变性聚丙烯凝胶下电泳,160 V 恒压 3 h。0.1% 硝酸银染色,用美国 UVP 凝胶成像系统(BioSpectrum® AC Imaging System,USA)成像。

表 1 微卫星标记核心序列、引物序列及其退火温度

Table 1 Core sequences, primer sequences and annealing temperatures of microsatellite DNA marker

微卫星位点 Loci	GenBank 注册号 Registration No.	引物序列(5'→3') Primer sequences(5'→3')	核心序列 Core sequences	PCR 片段长度/bp fragment length	退火温度 T _m /°C
Rp-03	AM873616	F: 5' CCGCTGTGAGGAGACCAA 3' R: 5' CCGCCTATGTGACAAAATGA 3'	(TTG)6	170-213	58
Rp-05	AM872674	F: 5' GGATCATAGCGTTGTTTG 3' R: 5' TAGTATTTCTCCGCCACC 3'	(AC)5	101-138	54
Rp-07	AM874000	F: 5' TATGGCTGCTTTGGACTG 3' R: 5' TCCCGTTACACTTACTTTCA 3'	(AT)7	119-151	51
Rp-08	AM873997	F: 5' AAGGTTTGGCTGTGAGGA 3' R: 5' TCCCGTTACACTTACTTTATC 3'	(AT)7	146-181	54
Rp-11	AM873203	F: 5' CAAATGAAGTTGGGAAGT 3' R: 5' GCCTGGCTAAATAAGTAA 3'	(TA)5	195-273	50
Rp-12	AM875824	F: 5' TTTATTTACCAACGCTCCT 3' R: 5' TCCCTATTTTCCATTCA 3'	(AT)5	193-238	50
Asari16	AB257421	F: 5' GCTCGAGTCTGATTGGCTACTTGAA 3' R: 5' GGTATCTAGTCAGCTCTTGCACTA 3'	(CT)12	151-174	55
Asari24	AB257423	F: 5' CCTACGACATGTGGGTTATTT 3' R: 5' TGTTTTACCTGTCCATCATTCA 3'	(GT)5 CT(GT)3	147-186	55
Asari54	AB257426	F: 5' AACGTCITTTTAATCATGGATGTGAA 3' R: 5'CCATATATCATATCATGATATCATCTCTAGA 3'	(CT)9	212-246	55
Asari55	AB257427	F: 5' TGGCTTTTGTCAATTGTGTATTGTG 3' R: 5' GACAAATTGGCTTTATTTGGAGG 3'	A9GCGTT(CTT)8	184-223	55
Asari62	AB257428	F: 5' AGTTGTACAGCAGCTCAGCAT 3' R: 5' CAAATAACTAAACATTTTCAGACTGC 3'	(CT)7C3(CT)5 (GA)3	196-272	55
Asari 64	AB257429	F: 5' GTATCTGAATGGGTGTTATTGTGAA 3' R: 5' GCAAAATCATTTTCGTTTGATGC 3'	(CT)12C2(GA)12	112-149	55

F:上游引物;R:下游引物

1.3 数据统计与分析

电泳凝胶经美国 UVP 凝胶成像系统成像,结合凝胶电泳分析软件 Gel-Pro Analyzer 4.0 根据标准 Marker (大连 100)读出扩增片段长度的大小,确定个体的基因型。利用 POPGENE 1.31 软件进行数据处理。计算 4 个世代每个标记位点的多态信息含量(Polymorphism information content,PIC)^[21],以及各个样本的等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)^[22]、观察杂合度(H_o)和预期杂合度(H_e)^[23]等以及 F_{is} 、 F_{st} 值的 F -分析和基于基因型的 P 值^[24]等参数,进行遗传多样性分析。并计算群体间的遗传相似性系数、遗传距离和遗传分化系数。具体参数的计算方法如下:

群体多态位点比例 P =多态位点总数/位点总数

多态信息含量
$$PIC = 2 \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n P_i P_j (1 - P_i P_j) , P_i$$

式中 P_j 分别为群体中第 i 、 j 个等位基因频率, n 为等位基因数。

有效等位基因数
$$N_e = 1 / \sum_{i=1}^n P_i^2$$

式中, P_i 为该位点上第 i 个等位基因的频率。

观察杂合度 H_o = 杂合子观察数 / 观察个体总数。

期望杂合度
$$H_e = 1 - \sum P_i^2$$

式中, P_i 为该位点上第 i 个等位基因的频率。

群体间的相似性指数
$$I = \sum (X_i Y_i) / \{ \sum (X_i)^2 \sum (Y_i)^2 \}^{1/2}$$

式中, X_i 、 Y_i 分别为 X 和 Y 群体第 i 个等位基因的频率。

群体间遗传距离
$$D = -\ln I$$

固定指数(F_{is})
$$F_{is} = 1 - (H_o/H_e)$$

F -统计量(F_{st})
$$F_{st} = \sigma^2 P / P(1 - P)$$

式中, P 为某等位基因在整个群体中的平均频率; $\sigma^2 P$ 为该等位基因在分群体之间的方差。

2 结果

2.1 PCR 扩增结果

从随机挑选的 22 对菲律宾蛤仔微卫星引物中筛选出 12 对有效扩增引物(表 1)。用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,得到清晰谱带。图 1 为位点 Rp-11 对 F_1 — F_4 个世代的扩增结果。

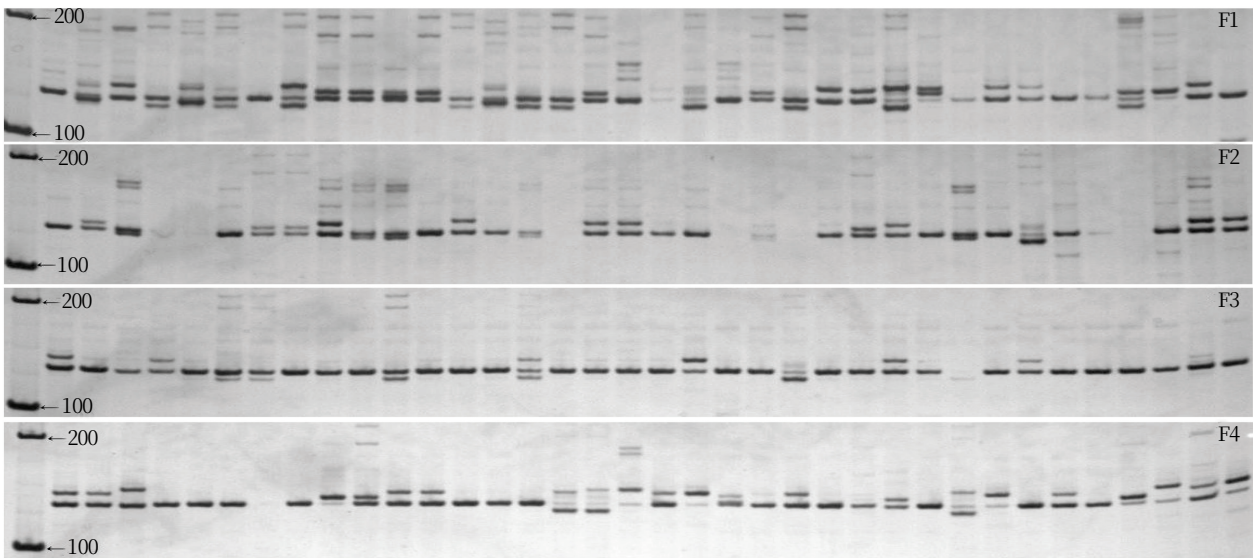


图 1 微卫星位点 Rp-11 在 4 个世代中的扩增结果

Fig. 1 Expansion results of microsatellite loci Rp-11 in 4 generations of Manila clam

2.2 各个基因位点的遗传多态性

对菲律宾蛤仔 4 个世代进行了 12 个多态位点的 PCR 扩增,共得到 121 个等位基因。每个位点得到的等位基因数从 2—6 个不等,产物片段长度在 101—273 bp 之间。各个位点的 PIC 值为 0.1948—0.7183。4 个世代的平均观测杂合度分别为 0.3786、0.3391、0.3860、0.3574。通过计算基因型的 P 值检验,4 个世代的 Hardy-Weinberg 平衡偏离常数均发生了不同程度的偏离,结果见表 2,偏离极其显著的群体位点用 * 表示。对 4 个世代、12 个多态位点进行 Hardy-Weinberg 平衡检测,发现检测的 48 个数据(4 个世代×12 个位点)中,有 27 个偏离遗传平衡状态。

2.3 世代间遗传变异与分化

除位点 Asari24 外,其余 11 个多态位点近交系数 F_{is} 值均为正值,表明 4 个世代的近交程度比较严重。世代间各位点遗传分化(F_{st})值在 0.0338—0.2136 之间,显著性检验表明,4 个世代在 12 个多态位点表现出显著的遗传分化。从 F -检验的数据来看,4 个世代内有 2 个位点遗传分化较弱,8 个位点遗传分化中等,2 个位点遗传分化较大(表 3);配对比较 F_{st} 值($0.05 < F_{st} < 0.15$)表明 4 个世代间遗传分化程度中等(表 4)。另外,对 F_{is} 值的计算表明,有 7 个群体位点杂合子处于过剩状态,对整个世代而言,除位点 Asari24 外,其余各位点均表现为一定程度的杂合子缺失。

表 2 蛤仔 4 世代的遗传多态性及 Hardy-Weinberg 平衡检验

Table 2 Genetic diversity and P-values in 4 generations of Manila clam

项目 Item	Rp-03	Rp-05	Rp-07	Rp-08	Rp-11	Rp-12	Asari16	Asari24	Asari54	Asari55	Asari62	Asari64	平均值 Mean
F1 <i>PIC</i>	0.4479	0.5377	0.5911	0.7044	0.6923	0.4810	0.5738	0.2859	0.4712	0.6436	0.6495	0.7135	0.5660
N_a	3	4	4	5	6	6	4	2	3	6	6	6	4.5833
N_e	2.2192	2.5494	2.7436	3.9755	3.7188	2.0329	2.8161	1.5283	2.1125	3.0890	3.3019	4.0124	2.8416
H_o	0.1944	0.1429	0.6286	0.3333	0.2500	0.4167	0.6176	0.3333	0.2222	0.2500	0.5429	0.6111	0.3786
H_e	0.5571	0.6166	0.6447	0.7590	0.7414	0.5153	0.6545	0.3505	0.5340	0.6870	0.7072	0.7613	0.6274
P	0.0000**	0.0000**	0.7090	0.0000**	0.0000**	0.4537	0.0000**	0.7621	0.0000**	0.0000**	0.0457	0.0108	
F2 <i>PIC</i>	0.5252	0.3135	0.4542	0.2883	0.6830	0.3802	0.5787	0.2254	0.0526	0.6612	0.7183	0.5011	0.4485
N_a	3	2	5	3	4	3	4	2	2	6	6	6	3.7500
N_e	2.4448	1.6374	1.9135	1.4521	3.7462	1.9398	2.8205	1.3493	1.0571	3.4507	4.1013	2.2192	2.3443
H_o	0.2692	0.0000	0.5172	0.2222	0.4286	0.1143	0.7222	0.3056	0.0000	0.3235	0.6944	0.4722	0.3391
H_e	0.6026	0.3951	0.4858	0.3157	0.7437	0.4915	0.6545	0.2625	0.0548	0.7208	0.7668	0.5571	0.5042
P	0.0000**	0.0000**	0.8517	0.0271	0.0000**	0.0000**	0.0638	0.3051	0.0000**	0.0000**	0.0947	0.1357	
F3 <i>PIC</i>	0.4669	0.1948	0.2196	0.4436	0.4796	0.5258	0.6521	0.3419	0.2994	0.7451	0.6899	0.5313	0.4658
N_a	4	2	3	4	4	4	4	2	3	6	6	6	4
N_e	2.1212	1.2800	1.3025	1.9243	2.1548	2.5437	3.3532	1.7785	1.5003	4.5120	3.6303	2.3415	2.3702
H_o	0.2571	0.0625	0.2000	0.3611	0.4000	0.3056	0.5833	0.5294	0.1429	0.4571	0.6667	0.6667	0.3860
H_e	0.5362	0.2222	0.2356	0.4871	0.5437	0.6154	0.7117	0.4442	0.3383	0.7896	0.7347	0.5810	0.5200
P	0.0007**	0.0000**	0.0130	0.0000**	0.0051**	0.0000**	0.0353	0.2545	0.0000**	0.0000**	0.2534	0.0185	
F4 <i>PIC</i>	0.6493	0.4335	0.5822	0.5552	0.6161	0.6501	0.6244	0.2191	0.4197	0.5021	0.7039	0.5436	0.5416
N_a	4	3	5	4	5	5	4	3	4	4	6	4	4.25
N_e	2.9794	2.1739	2.6259	2.6273	3.0702	3.3519	3.1648	1.3204	1.8501	2.4159	3.9200	2.6288	2.6774
H_o	0.5588	0.0286	0.2857	0.1212	0.3143	0.3438	0.4722	0.2778	0.3611	0.0882	0.7429	0.6944	0.3574
H_e	0.6743	0.5478	0.6282	0.6289	0.6841	0.7128	0.6937	0.2461	0.4660	0.5948	0.7557	0.6283	0.6050
P	0.21904	0.0000**	0.0000**	0.0000**	0.0000**	0.0001**	0.0001**	0.8416	0.0278	0.0000**	0.0664	0.3230	

N_a : 等位基因数 Number of alleles; N_e : 有效等位基因数 Number of effective alleles; H_o : 观察杂合度 Observed heterozygosity; H_e : 期望杂合度 Expected heterozygosity; P : 哈德-温格平衡 χ^2 检验,

** : $P < 0.01$

表 3 菲律宾蛤仔 4 个世代 12 个微卫星位点的 F -检验

Table 3 F -statistics for 4 generations of Manila clam at 12 microsatellite loci

位点 Loci	近交系数 F_{is}				近交系数 F_{is}	F -统计量 F_{st}
	世代 1 F_1	世代 2 F_2	世代 3 F_3	世代 4 F_4	4 个世代 4 generations	4 个世代 4 generations
Rp-03	0.6461	0.5444	0.5135	0.1589	0.4516	0.0581
Rp-05	0.7649	1.0000	0.7143	0.9471	0.8668	0.1406
Rp-07	0.0109	-0.0834	0.1388	0.5386	0.1694	0.0481
Rp-08	0.5546	0.2862	0.2482	0.8043	0.5194	0.2136
Rp-11	0.6580	0.4154	0.2536	0.5339	0.4792	0.0580
Rp-12	0.1800	0.7641	0.4965	0.5101	0.4871	0.1425
Asari16	0.0423	-0.1189	0.1688	0.3096	0.1049	0.0669
Asari24	0.0357	-0.1803	-0.2095	-0.1447	-0.1254	0.0338
Asari54	0.5780	1.0000	0.5716	0.2141	0.4713	0.0661
Asari55	0.6303	0.5445	0.4127	0.8494	0.5933	0.1273
Asari64	0.1860	0.1404	-0.1636	-0.1208	0.0193	0.1785

采用 $Nei^{[23]}$ 的方法计算世代间的相似性系数和遗传距离(表 5)。随着选育的进行, F_1 与后续世代的遗传相似性逐渐减小(0.8203—0.8107—0.8031), 遗传距离逐渐增大(0.1918—0.2099—0.2129)。不同世代间的遗传相似性系数为 0.7873—0.8685, 遗传距离为 0.141—0.2391。结果都表明 4 个世代间的遗传分化程度不高。

表 4 菲律宾蛤仔不同世代间 12 个微卫星位点
配对比较的 F_{st} 值

Table 4 Comparison on Pairwise F_{st} values of Manila clam among
different generations at 12 microsatellite loci

世代 Generations	F_1	F_2	F_3	F_4
F_1	—			
F_2	0.0718	—		
F_3	0.0725	0.0971	—	
F_4	0.0624	0.0565	0.0654	—

表 5 F_1 — F_4 群体的 Nei 氏遗传距离(下三角)及遗传相似性系数
(上三角)

Table 5 Nei 's genetic distance (below) and genetic identity
(above) between the F_1 — F_4

世代 Pop ID	F_1	F_2	F_3	F_4
F_1	* * * *	0.8203	0.8107	0.8031
F_2	0.1918	* * * *	0.7873	0.8685
F_3	0.2099	0.2391	* * * *	0.8371
F_4	0.2129	0.1410	0.1778	* * * *

3 讨论

3.1 微卫星位点的高度多态性

菲律宾蛤仔选育基础群体 F_1 为大连石河近海的野生蛤仔, 从 2006 年起, 开始按照 10% 的选择强度, 进行上选, 每个世代选择周期为 1, 连续上选的 3 个世代依次为 F_2 、 F_3 、 F_4 , 因此对其各个世代进行遗传结构分析, 了解各世代间的遗传变化, 对下一步制定育种策略具有很重要的意义。目前, 已有不少利用微卫星标记对世代群体进行研究的报道^[25-30]。本研究中, 选用的微卫星位点在 F_1 世代的多态性含量在 0.2859—0.7135, 平均为 0.566。每个位点的等位基因在 2—6 之间, 平均等位基因数为 4.5833。具有较高的多态性水平。根据 Barker^[31] 观点, 带有 4 个或 4 个以上等位基因的微卫星位点才能很好的进行物种遗传多样性评估。这说明这 12 对微卫星标记能很好的用于本研究。

在本研究中, 每个位点的有效等位基因数从 1.0571 到 4.1013, 与李旭光等^[15] 利用同工酶方法检测得到的有效等位基因数为 1.4891—1.6325 相比是比较多的。4 个世代的平均杂合度分别为 0.3786、0.3391、0.3860、0.3574。也比同工酶所报道的高。与同工酶等技术相比, 微卫星位点的高度多态性, 以及遗传标记以孟德尔方式共显性遗传等优点, 决定了 SSR 标记被广泛应用于生物学研究的各个领域, 尤其在亲缘关系相近或地理位置相近群体的分子标记辅助育种中进行家系确定等起到非常重要的作用^[32-34]。

3.2 世代内的遗传多样性

群体的遗传多样性主要表现在杂合度和等位基因数两个方面^[35-37]。本研究的 4 个世代的平均观测杂合度和期望杂合度分别为 0.3391—0.3860、0.5042—0.6274; 从等位基因数来看, 位点的基因型数为 2—15, 而各世代每个位点的等位基因数从 2—6 个不等, 与闫喜武等^[19] 研究 3 个地理群体蛤仔的平均观测和期望杂合

度(0.2383—0.4387 和 0.5526—0.6488)、位点的基因型数(3—17 个)相比,结果相差不大。与 Yasuda N 等^[20]的蛤仔群体中 $H_o=0.136-0.909$, $H_e=0.553-0.954$ 的结果亦相差不大。表明 4 个世代的遗传多样性较高且群体内差异不显著。

世代内 85% 近交系数 F_{is} 值为正值,说明世代内均表现出一定水平的近交,造成不同程度的杂合子缺失,显著的杂合子缺失情况在很多海洋生物中被报道^[35-37]。4 个世代均有不同程度的杂合子缺失,通过 Hardy-Weinberg 平衡检验,发现在世代内杂合子过剩的微卫星位点偏离 Hardy-Weinberg 平衡。Ball 等^[38]发现哑等位基因的存在可能是杂合子缺失现象不可缺少的因素之一。

3.3 世代间的遗传与分化

从本研究的结果看,人工选育对选育群体的遗传结构产生显著的影响,世代总遗传分化指数为 0.103,根据 Wright^[34]对遗传分化指数的界定, F_{st} 值在 0—0.05 之间,群体遗传分化较弱;0.05—0.15 之间,群体遗传分化中等;0.15—0.25 之间,表示群体遗传分化较大;当 F_{st} 值大于 0.25 时,表示分化极大。表明所有世代遗传分属于中等分化水平。 F_4 相对于 F_1 世代而言,等位基因数,平均观测杂合度等均有所下降,表明随着选育的进行,世代的遗传基础趋向纯化。本研究结果表明,世代间处于中等分化水平($0.05 < F_{st} < 0.15$);对 4 个世代间遗传距离和遗传相似性的计算结果显示,随着选育的进行, F_1 与 F_2 、 F_3 、 F_4 的遗传距离逐渐增大(0.1918—0.2129),遗传相似性逐渐缩小(0.8203—0.8031)。表明随着选育的进行,选择压力在一定程度上改变了选育群体的遗传结构,群体的遗传结构逐步趋向稳定。

本研究中所用样品均为野生型蛤仔后代,具有较高的遗传多样性,是开展品种培育的优良材料。每代都是从上一代中按照 10% 选择强度繁育而来,故选育后代在生长性状方面有着优良的表现。经连续上选的 F_4 世代遗传多样性仍然较高,说明还具有一定得选育潜力。以往的部分研究表明,选择是有极限的;但还有一部分研究认为选择是无极限的,因为上选群体的个体在生长过程中,存在着遗传变异,本文研究结果支持后者。因此,还可在此基础上,进一步上选其生长性能,为蛤仔快速生长核心品系的开发提供理论基础。

References:

- [1] Zhang G F, Yan X W. Manila Clam Aquaculture. Beijing: Science Press, 2010.
- [2] Lou Y D. Fish Breeding. Beijing: China Agriculture Press, 1999: 29-39.
- [3] Gershkowitz S. Practical genetics in Israeli mariculture: history and present status. Israeli Journal of Aquaculture, 2006, 58(4): 238.
- [4] Langdon C, Evans F, Jacobson D, Blouin M. Yields of cultured Pacific oysters *Crassostrea gigas* Thunberg improved after one generation of selection. Aquaculture, 2003, 220(1/4): 227-244.
- [5] Nell J A, Smith I R, Sheridan A K. Third generation evaluation of Sydney rock oyster *Saccostrea commercialis* (Iredale and Roughley) breeding lines. Aquaculture, 1999, 170(3/4): 195-203.
- [6] Zheng H P, Zhang G F, Liu X, Zhang F S, Guo X M. Different responses to selection in two stocks of the bay scallop, *Argopecten irradians* Lamarck (1819). Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 2004, 313(2): 213-223.
- [7] Zheng H P, Zhang G F, Liu X, Guo X M. Sustained response to selection in an introduced population of the hermaphroditic bay scallop *Argopecten irradians* Lamarck (1819). Aquaculture, 2006, 255(1/4): 579-585.
- [8] Deng Y W, Fu S, Du X D, Wang Q H. Response to selection and realized heritability for early growth in the second-generation selected line of pearl oyster *Pinctada martensii*. Journal of Guangdong Ocean University, 2008, 28(4): 26-29.
- [9] Yan X W, Zhang Y H, Huo Z M, Sun H Q, Pan F L, Yang F, Zhang G F. Responses to selection and realized heritability in three geographical populations of Manila clam (*Ruditapes philippinarum*). Journal of Fisheries of China, 2010, 34(5): 704-710.
- [10] Sundén S L F, Davis S K. Evaluation of genetic variation in a domestic population of *Penaeus qannamei* (Boone): a comparison with three natural populations. Aquaculture, 1991, 97(2/3): 131-142.
- [11] Wolfus G M, Garcia D K, Alcivar-Warren A. Application of the microsatellite technique for analyzing genetic diversity in shrimp breeding programs. Aquaculture, 1997, 152(1/4): 35-47.
- [12] Guo H J, Luo J, Hong Y J, Qiu Q J, Yu Y, Xu M X, Wang J H. Growth and genetic analysis on the selected breeding *Hyriopsis schlegelii*. Acta Hydrobiologica Sinica, 2008, 32(2): 220-224.
- [13] He Y Y, Liu P, Li J, Kong J, Wang Q Y. Analysis of genetic structure in the first cultured stock and the sixth cultured stock of *Fenneropenaeus chinensis*. Journal of Fishery Sciences of China, 2004, 11(6): 572-575.
- [14] Song L S, Li J Q, Li H L, Cui Z X, Li C H, Xu W, Chang Y Q. The genetic structure and genetic differentiation of the natural population and the hatchery stock of *Chlamys farreri* revealed by RAPD analysis. High Technology Letters, 2002, 12(7): 83-87.
- [15] Li X G, Xu G P, Yan B L, Yang J X, Zhao Y J, Xu J R, Xu P. Biochemical genetic structure and variation in different populations of *Ruditapes philippinarum*. Marine Sciences, 2009, 33(4): 61-65.
- [16] Liu X Q, Bao Z M, Hu J J, Wang S, Zhan A B, Liu H, Fang J G, Wang R C. AFLP analysis revealed differences in genetic diversity of four natural populations of Manila clam (*Ruditapes philippinarum*) in China. Acta Oceanologica Sinica, 2007, 26(1): 150-158.
- [17] Lu S M, Bao Z M, Zhang L L, Meng Q L, Hu J J, Hu X L, Liu H, Fang J G. Physical mapping of reiterated gene families 28S rRNA and histone H3 DNA in Manila Clam (*Ruditapes philippinarum*). Chinese High Technology Letters, 2007, 17(9): 974-978.
- [18] Wang Z Y, Tsoi K H, Chu K H. Applications of AFLP technology in genetic and phylogenetic analysis of penaeid shrimp. Biochemical Systematics

- and Ecology, 2004, 32(4): 399-407.
- [19] Yan X W, Yu Z F, Qin Y J, Yang F, Wang J H, Zhang Y H, Yang F, Zhang G F. Development and analysis of EST-SSRs markers in genetic diversity among different geographical population of Manila clam *Ruditapes philippinarum*. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(15): 4190-4198.
- [20] Yasuda N, Nagai S, Yamaguchi S, Lian C L, Hanaguchi M. Development of microsatellite markers for Manila clam *Ruditapes philippinarum*. Molecular Ecology Notes, 2007, 7(1): 43-45.
- [21] Botstein D, White R L, Skolnick M, Davis R W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics, 1980, 32(3): 314-331.
- [22] Kimura M, Crow J F. The number of alleles that can be maintained in a finite population. Genetics, 1964, 49: 725-738.
- [23] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 1978, 19: 583-590.
- [24] Levene H. On a matching problem in genetics. The Annals of Mathematical Statistics, 1949, 20(1): 91-94.
- [25] Zhang T S, Wang Q Y, Liu P, Li J, Kong J. Genetic diversity analysis on selected populations of Shrimp *Fenneropenaeus chinensis* by microsatellites. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2005, 36(1): 72-80.
- [26] Xie X Y, Li S F, Cai W Q. Analysis of genetic diversity of GIFT strain Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) during selection processing by microsatellites. Journal of Fisheries of China, 2007, 31(3): 385-390.
- [27] Zheng K, Lin K D, Liu Z H, Luo C. Comparative microsatellite analysis of grass carp genomes of two gynogenetic groups and the Xiangjiang River group. Journal of Genetics and Genomics, 2007, 34(4): 321-330.
- [28] Li S F, Chen L, Cai W Q. Genetic variations among a new tilapia hybrid [NEW GIFT Tilapia (*Oreochromis niloticus*) ♀ × blue tilapia (*O. aureas*) ♂] and four closed genotypes of tilapia by RAPD and SSR analysis. Journal of Fisheries of China, 2008, 32(5): 657-664.
- [29] Tong X, Gong S Y, Yu D H, Huang G J, Du B, Li S D. Genetic diversity of cultured Pacific white Shrimp (*Litopenaeus vannamei*) Stocks of different generations in China. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2009, 40(2): 214-220.
- [30] Zhao G T, Liu X D, Wang Z Y, Cai M Y, Yao C L. Genetic structure and genetic diversity analysis of four consecutive breeding generations of large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea*) using Microsatellite markers. Journal of Fisheries of China, 2010, 34(4): 500-507.
- [31] Barker J S F. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds // Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Ontario: University of Guelph, 1994, 21: 501-508.
- [32] Moore S S, Whan V, Davis G P, Byrne K, Hetzes D J S, Preston N. The development and application of genetic markers for the Kuruma prawn *Penaeus japonicus*. Aquaculture, 1999, 173(1/4): 19-32.
- [33] Wolfus G M, Garcia D K, Alcivar-Warren A. Application of the microsatellite technique for analyzing genetic diversity in shrimp breeding programs. Aquaculture, 1997, 152(1/4): 35-47.
- [34] Wright J M, Bentzen P. Microsatellites: genetic markers for the future. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 1994, 4(3): 384-388.
- [35] Sato M, Kawamata K, Zaslavskaya N, Nakamura A, Ohta T, Nishikiori T, Brykov V, Nagshima K. Development of microsatellite markers for Japanese scallop (*Mizuhopecten yessoensis*) and their application to a population genetic study. Marine Biotechnology, 2005, 7(6): 713-728.
- [36] Addison J A, Hart M W. Analysis of population genetic structure of the green sea urchin (*Strongylocentrotus droebachiensis*) using microsatellites. Marine Biology, 2004, 144(2): 243-251.
- [37] Valles-Jimenez R, Cruz P, Perez-Enriquez R. Population genetic structure of pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) from Mexico to Panama: microsatellite DNA variation. Marine Biotechnology, 2004, 6(5): 475-484.
- [38] Ball A O, Leonard S, Chapman R W. Characterization of (GT)_n microsatellites from native white shrimp (*Penaeus setiferus*). Molecular Ecology, 1998, 7: 1251-1253.

参考文献:

- [1] 张国范, 闫喜武. 蛤仔养殖学. 北京: 科学出版社, 2010.
- [2] 楼允东. 鱼类育种学. 北京: 中国农业出版社, 1999: 29-39.
- [8] 邓岳文, 符韶, 杜晓东, 王庆恒. 马氏珠母贝选系 F2 早起选择反应和现实遗传力估计. 广东海洋大学学报, 2008, 28(4): 26-29.
- [9] 闫喜武, 张跃环, 霍忠明, 孙焕强, 潘发林, 杨凤, 张国范. 不同地理群体菲律宾蛤仔的选择反应及现实遗传力. 水产学报, 2010, 34(5): 704-710.
- [12] 郭红军, 罗洁, 洪一江, 邱齐骏, 余颖, 徐毛喜, 王军花. 人工选育池螺蚌的生长及不同世代遗传分析. 水生生物学报, 2008, 32(2): 220-224.
- [13] 何玉英, 刘萍, 李健, 孔杰, 王清印. 中国明对虾第一代和第六代人工选育群体的遗传结构分析. 中国水产科学, 2004, 11(6): 572-575.
- [14] 宋林生, 李俊强, 李红蕾, 崔朝霞, 李成华, 胥炜, 常亚青. 用 RAPD 技术对我国栉孔扇贝野生种群与养殖群体的遗传结构及其遗传分化的研究. 高技术通讯, 2002, 12(7): 83-87.
- [15] 李旭光, 许广平, 阎斌伦, 杨家新, 赵艳景, 徐建荣, 许璞. 菲律宾蛤仔不同地理群体生化遗传结构与变异的研究. 海洋科学, 2009, 33(4): 61-65.
- [17] 卢素敏, 包振民, 张玲玲, 孟庆磊, 胡景杰, 胡晓丽, 刘慧, 方建光. 菲律宾蛤仔重复序列 28S rRNA 及组蛋白 H₃ 基因的染色体定位. 高技术通讯, 2007, 17(9): 974-978.
- [19] 闫喜武, 虞志飞, 秦艳杰, 杨霏, 王金海, 张跃环, 杨凤, 张国范. 菲律宾蛤仔 EST-SSRs 标记开发及不同地理群体遗传多样性分析. 生态学报, 2011, 31(15): 4190-4198.
- [25] 张天时, 王清印, 刘萍, 李健, 孔杰. 中国对虾 (*Fenneropenaeus chinensis*) 人工选育群体不同世代的微卫星分析. 海洋与湖沼, 2005, 36(1): 72-80.
- [26] 颜晓勇, 李思发, 蔡完其. 吉富品系尼罗罗非鱼选育过程中遗传变异的微卫星分析. 水产学报, 2007, 31(3): 385-390.
- [28] 李思发, 陈林, 蔡完其. 吉奥罗非鱼 (新吉富罗非鱼 ♀ × 奥利亚罗非鱼 ♂) 和 4 个近缘遗传型罗非鱼的遗传差异的 RAPD、SSR 比较分析. 水产学报, 2008, 32(5): 657-664.
- [29] 童馨, 龚世圆, 喻达辉, 黄桂菊, 杜博, 李色东. 凡纳滨对虾资料 (*Litopenaeus vannamei*) 不同世代养殖群体的遗传多样性分析. 海洋与湖沼, 2009, 40(2): 214-220.
- [30] 赵广泰, 刘贤德, 王志勇, 蔡明夷, 姚翠鸾. 大黄鱼连续 4 代选育群体遗传多样性与遗传结构的微卫星分析. 水产学报, 2010, 34(4): 500-507.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.31 ,No.15 August ,2011 (Semimonthly)

CONTENTS

Trophic group responses of ground arthropods to land-cover change and management disturbance	LI Fengrui, LIU Jiliang, HUA Wei, et al (4169)
Construction and comparative analysis of enriched microsatellite library from <i>Liposcelis bostrychophila</i> and <i>L. entomophila</i> genome	WEI Dandan, YUAN Minglong, WANG Baojun, et al (4182)
Development of EST-SSRs markers and analysis of genetic diversities among different geographical populations of Manila clam <i>Ruditapes philippinarum</i>	YAN Xiwu, YU Zhifei, QIN Yanjie, et al (4190)
Genetic diversity of different generations of the Dalian population of Manila clam <i>Ruditapes philippinarum</i> through selective breeding	YU Zhifei, YAN Xiwu, YANG Fei, et al (4199)
Comparative study of spike differentiation in wheat in the glasshouse and field	JIANG Lina, ZHAO Yanling, SHAO Yun, et al (4207)
Effects of organic fertilizer on growth and endogenous hormone contents of wheat seedlings under salt stress	LIU Haiying, CUI Changhai, ZHAO Qian, et al (4215)
Impacts of climatic change on spring wheat growth in a semi-arid region of the Loess Plateau: a case study in Dingxi, Gansu Province	YAO Yubi, WANG Runyuan, YANG Jinhu, et al (4225)
Dynamic changes in nitrogen and phosphorus concentrations and emission-reduction potentials in paddy field water under different tillage models	FENG Guolu, YANG Renbin (4235)
Effects of planting and straw returning of transgenic Bt maize on soil enzyme activities under field condition	YAN Shilei, ZHAO Lei, SUN Hongwei, et al (4244)
Effects of short-term flooding on <i>Geobacteraceae</i> spp. and <i>Anaeromyxobacter</i> spp. abundance in paddy soil	ZHU Chao, Stefan Ratering, QU Dong, et al (4251)
Adaptive adjustments of the sowing date of late season rice under climate change in Guangdong Province	WANG Hua, CHEN Xinguang, HU Fei, et al (4261)
Carbon and nitrogen sequestration rate in long-term fenced grasslands in Inner Mongolia, China	HE Nianpeng, HAN Xingguo, YU Guirui (4270)
Ecosystems carbon storage and carbon sequestration potential of two main tree species for the Grain for Green Project on China's hilly Loess Plateau	LIU Yingchun, WANG Qiufeng, YU Guirui, et al (4277)
Wettability on plant leaf surfaces and its ecological significance	SHI Hui, WANG Huixia, LI Yangyang (4287)
Seasonal dynamics of litter accumulation in major forest communities on the northern slope of Changbai Mountain, Northeast China	ZHENG Jinping, GUO Zhongling, XU Chengyang, et al (4299)
A comparative study of seed germination traits of 52 species from Gurbantunggut Desert and its peripheral zone	LIU Huiliang, SONG Mingfang, DUAN Shimin, et al (4308)
The reproductive ecological characteristics of <i>Sinosenecio jishouensis</i> (Compositae) and its endangerment mechanisms	DENG Tao, CHEN Gongxi, ZHANG Daigui, et al (4318)
Iterative algorithm for analyzing the influence of the proportion of permanently destroyed sites on the equilibrium abundances of species	SHI Peijian, GE Feng, YANG Qingpei (4327)
Physiological mechanism of foliage spraying paclobutrazol on increasing salt tolerance of <i>Jatropha curcas</i> seedlings	MAO Yiqing, ZHENG Qingsong, CHEN Jianmiao, et al (4334)
Spatial ecological niche of main insect borers in larch of Aershan	YUAN Fei, LUO Youqing, SHI Juan, et al (4342)
Source areas and landing mechanism of early immigration of white-backed planthoppers <i>Sogatella furcifera</i> (Horváth) in Yunnan, 2009	SHEN Huimei, LÜ Jianping, ZHOU Jinyu, et al (4350)
Life history and the evolutionary significance of egg diapause in Changsha population of the rice grasshopper, <i>Oxya chinensis</i> (Orthoptera: Catantopidae)	ZHU Daohong, ZHANG Chao, TAN Ronghe (4365)
Relationships between main insect pests and their predatory natural enemies in "518" nectarine orchard	SHI Xiaoli, BI Shoudong, GENG Jiguang, et al (4372)
Dynamics of soil meso- and microfauna communities in Zoigê alpine meadows on the eastern edge of Qinghai-Tibet Plateau, China	ZHANG Hongzhi, WU Pengfei, YANG Daxing, et al (4385)
Seasonal changes in waterbirds population and movements of Great Black-headed Gull <i>Larus ichthyaetus</i> at Keluke Lake of Qinghai, China	ZHANG Guogang, LIU Dongping, HOU Yunqiu, et al (4398)
Predictions of net carbon emissions based on the emissions and forest carbon sinks in Yunnan Province	LIU Huiya, WANG Zheng, MA Xiaozhe (4405)
Ecological water depletion by human use in Beijing City	BAI Yinglan, WANG Rusong, YAO Liang (4415)
Review and Monograph	
Research progress on regulation mechanism for the process of water transport in plants	YANG Qiliang, ZHANG Fucang, LIU Xiaogang, et al (4427)
Antibiotics in environmental matrices and their effects on microbial ecosystems	YU Shen, WANG Min, HONG Youwei (4437)
Anaerobic ammonium oxidation in natural ecosystems	SHEN Lidong, ZHENG Ping, HU Baolan (4447)
Scientific Note	
Ecological characteristics of macrobenthic communities and their relation to water environmental factors in four bays of southern Shandong Peninsula	ZHANG Ying, LÜ Zhenbo, XU Zongfa, et al (4455)
Seasonal succession of crustacean zooplankton in relation to the major environmental factors in Lake Ulungur, Xinjiang	YANG Lili, ZHOU Xiaoyu, LIU Qigen, et al (4468)
Effect of different fertilization and irrigation practices on soil ammonia volatilization of Arecanut (<i>Areca catechu</i> L.)	LU Lilan, GAN Bingchun, XU Minghui, et al (4477)

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 15 期 (2011 年 8 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 31 No. 15 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	Edited by	Editorial board of ACTA ECOLOGICA SINICA Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China Tel:(010)62941099 www.ecologica.cn Shengtaixuebao@rcees.ac.cn
主 编	冯宗炜	Editor-in-chief	FENG Zong-Wei
主 管	中国科学技术协会	Supervised by	China Association for Science and Technology
主 办	中国生态学会 中国科学院生态环境研究中心 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085	Sponsored by	Ecological Society of China Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
出 版	科 学 出 版 社 地址:北京东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717	Published by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷	北京北林印刷厂	Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
发 行	科 学 出 版 社 地址:东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717 电话:(010)64034563 E-mail:journal@csppg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@csppg.net
订 购	全国各地邮局	Domestic	All Local Post Offices in China
国外发行	中国国际图书贸易总公司 地址:北京 399 信箱 邮政编码:100044	Foreign	China International Book Trading Corporation Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China
广告经营 许 可 证	京海工商广字第 8013 号		



ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 70.00 元