

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

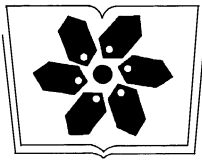
Acta Ecologica Sinica



第32卷 第15期 Vol.32 No.15 **2012**

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 32 卷 第 15 期

2012 年 8 月 (半月刊)

目 次

放牧对青藏高原东部两种典型高寒草地类型凋落物分解的影响.....	张艳博, 罗 鹏, 孙 庚, 等 (4605)
北京地区外来入侵植物分布特征及其影响因素.....	王苏铭, 张 楠, 于琳倩, 等 (4618)
温带混交林碳水通量模拟及其对冠层分层方式的响应——耦合的气孔导度-光合作用-能量平衡模型	施婷婷, 高玉芳, 袁凤辉, 等 (4630)
洞庭湖景观格局变化及其对水文调蓄功能的影响	刘 娜, 王克林, 段亚锋 (4641)
大辽河口水环境污染生态风险评估.....	于 格, 陈 静, 张学庆, 等 (4651)
标准化方法筛选参照点构建大型底栖动物生物完整性指数	渠晓东, 刘志刚, 张 远 (4661)
不同年龄段大连群体菲律宾蛤仔 EST-SSR 多样性	虞志飞, 闫喜武, 张跃环, 等 (4673)
基于地统计分析西印度洋黄鳍金枪鱼围网渔获量的空间异质性	杨晓明, 戴小杰, 朱国平 (4682)
广东罗坑自然保护区鳄蜥生境选择的季节性差异.....	武正军, 戴冬亮, 宁加佳, 等 (4691)
甘肃兴隆山森林演替过程中的土壤理化性质.....	魏 强, 凌 雷, 柴春山, 等 (4700)
短轮伐期毛白杨不同密度林分土壤有机碳和全氮动态.....	赵雪梅, 孙向阳, 康向阳, 等 (4714)
放牧对呼伦贝尔草地植物和土壤生态化学计量学特征的影响.....	丁小慧, 官 立, 王东波, 等 (4722)
UV-B 辐射增强对抗除草剂转基因水稻 CH ₄ 排放的影响	娄运生, 周文麟 (4731)
基于核磁共振波谱的盐芥盐胁迫代谢组学分析.....	王新宇, 王丽华, 于 萍, 等 (4737)
广西甘蔗根际高效联合固氮菌的筛选及鉴定.....	胡春锦, 林 丽, 史国英, 等 (4745)
不同稻蟹生产模式对土壤活性有机碳和酶活性的影响.....	安 辉, 刘鸣达, 王耀晶, 等 (4753)
大兴安岭火烧迹地恢复初期土壤微生物群落特征.....	白爱芹, 傅伯杰, 曲来叶, 等 (4762)
川西北冷杉林恢复过程中土壤动物群落动态.....	崔丽巍, 刘世荣, 刘兴良, 等 (4772)
内生真菌角担子菌 B6 对连作西瓜土壤尖孢镰刀菌的影响	肖 逸, 戴传超, 王兴祥, 等 (4784)
西江颗粒直链藻种群生态特征.....	王 超, 赖子尼, 李跃飞, 等 (4793)
大型人工湿地生态可持续性评价.....	张依然, 王仁卿, 张 建, 等 (4803)
孢粉、炭屑揭示的黔西高原 MIS3b 期间古植被、古气候演变	赵增友, 袁道先, 石胜强, 等 (4811)
树干径流对梭梭“肥岛”和“盐岛”效应的作用机制	李从娟, 雷加强, 徐新文, 等 (4819)
豆科作物-小麦轮作方式下旱地小麦花后干物质及养分累积、转移与产量的关系	杨 宁, 赵护兵, 王朝辉, 等 (4827)
一次陆源降雨污水引起血红哈卡藻赤潮的成因.....	刘义豪, 宋秀凯, 靳 洋, 等 (4836)
盐城国家级自然保护区景观格局变化及其驱动力.....	王艳芳, 沈永明 (4844)
城市屋顶绿化资源潜力评估及绿化策略分析——以深圳市福田区为例.....	邵天然, 李超骥, 曾 辉 (4852)
黄河三角洲区域生态经济系统动态耦合过程及趋势.....	王介勇, 吴建寨 (4861)
重庆市生态功能区蝴蝶多样性参数	李爱民, 邓合黎, 马 琦 (4869)
专论与综述	
干旱半干旱区不同环境因素对土壤呼吸影响研究进展.....	王新源, 李玉霖, 赵学勇, 等 (4890)
土壤呼吸的温度敏感性——全球变暖正负反馈的不确定因素.....	栾军伟, 刘世荣 (4902)
森林土壤甲烷吸收的主控因子及其对增氮的响应研究进展.....	程淑兰, 方华军, 于贵瑞, 等 (4914)
湖泊氮素氧化及脱氮过程研究进展	范俊楠, 赵建伟, 朱端卫 (4924)
研究简报	
刈割对人工湿地风车草生长及污水净化效果的影响.....	吕改云, 何怀东, 杨丹菁, 等 (4932)
学术信息与动态	
全球气候变化与粮食安全——2012 年 Planet Under Pressure 国际会议述评	安艺明, 赵文武 (4940)

期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 338 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 35 * 2012-08



封面图说: 水杉是中国特有种, 国家一级保护植物, 有植物王国“活化石”之称, 是 1946 年由中国的植物学家在湖北的利川磨刀溪发现的。水杉曾广泛分布于北半球, 第四纪冰期以后, 水杉属的其他种类全部灭绝, 水杉确在中国川、鄂、湘边境地带得以幸存, 成为旷世奇珍。水杉耐水, 适应力强, 生长极为迅速, 其树干通直挺拔, 高大秀颀, 树冠呈圆锥形, 姿态优美, 枝叶繁茂, 入秋后叶色金黄。自发现后被人们在中国南方广泛种植, 成为著名的绿化观赏植物, 现在中国水杉的子孙已遍及中国和世界 50 多个国家和地区。

彩图提供: 陈建伟教授 北京林业大学 E-mail: cites.chenjw@163.com

DOI: 10.5846/stxb201105150625

虞志飞, 闫喜武, 张跃环, 杨霏, 杨凤, 张国范. 不同年龄段大连群体菲律宾蛤仔 EST-SSR 多样性. 生态学报, 2012, 32(15): 4673-4681.

Yu Z F, Yan X W, Zhang Y H, Yang F, Yang F, Zhang G F. Genetic diversity analysis of different age of a Dalian population of the Manila clam *Ruditapes philippinarum* by EST-SSR. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(15): 4673-4681.

不同年龄段大连群体菲律宾蛤仔 EST-SSR 多样性

虞志飞^{1,2}, 闫喜武^{1,*}, 张跃环¹, 杨霏¹, 杨凤¹, 张国范³

(1. 大连海洋大学水产与生命学院 辽宁省贝类良种繁育工程技术研究中心, 大连 116023;

2. 安徽省太湖中学, 太湖 246400; 3. 中国科学院海洋研究所, 青岛 266071)

摘要:为查明年龄结构对菲律宾蛤仔同一群体内遗传多样的影响,采用 14 个 SSR 分子标记对大连石河不同年龄段的野生蛤仔进行了检测。结果表明:不同年龄段(1 龄-Age1、2 龄-Age2、3 龄-Age3)蛤仔均维持着较高的遗传多样性。根据 POPGENE 1.31 和 SPSS16.0 统计分析显示,位点 Rp-11、Rp-12、Rp-19 对 3 个年龄段蛤仔的等位基因数差异极显著($P<0.01$);位点 Rp-20、Rp-24、Rp-27、Rp-30 对其差异显著($P<0.05$);剩余 7 个位点表现为差异不显著($P>0.05$)。在平均水平上,每位点等位基因数目 N_a 为 4.3095,有效等位基因数目 N_e 为 2.3729,多态位点百分数 $P(\%)$ 为 14。观察杂合度和期望杂合度都比较高,观察杂合度平均为 $H_o = 0.2335$,期望杂合度平均为 $H_e = 0.5140$ 。而且, N_e 和 H_e 随年龄的变化表现出 Age2>Age3>Age1 的趋势。各年龄段蛤仔——Age1、Age2、Age3 的平均观察杂合度(H_o)和平均期望杂合度(H_e)分别为 0.2357、0.2546、0.2159 和 0.4951、0.5286、0.5184。Age2 的遗传多样性指数高于 Age1 及 Age3,遗传分化相对较低。其中, Age1 与 Age3 蛤仔遗传距离最小, D 为 0.0195,即变异很小;而 Age1 与 Age2 遗传距离较大, D 为 0.0437,变化范围不大(0.0195—0.0437)。从遗传一致度的数值上看了 3 个年龄段蛤仔的遗传相似程度很大,平均为 0.9655。Age1 与 Age3 遗传相似程度高达 0.9807,而 Age1 与 Age2 相似程度较小为 0.9572。说明不同年龄段蛤仔相似程度非常高。根据不同年龄段蛤仔的遗传距离,采用 UPGMA 平均聚类方法对其进行聚类可知, Age3 与 Age1 蛤仔间遗传距离较小,与 Age2 蛤仔差异较大。通过对等位基因频率进行卡方检验发现,随着年龄结构的变化,部分基因频率减小;同时随着年龄的增长,有部分等位基因得到了纯化。大连群体蛤仔总的遗传分化较低,其遗传分化指数 F_{st} 为 0.0248 ($F_{st}<0.05$),遗传分化系数为 0.02,说明总的遗传变异中有 2% 来自于不同年龄段的蛤仔之间。遗传距离和遗传一致度均值分别为 0.035 和 0.9655,基因流($N_m=9.8238$)相对流畅,进一步表明年龄结构对蛤仔种群内遗传分化的影响较小。

关键词: 菲律宾蛤仔; 年龄段; SSR; 遗传多样性; 遗传分化

Genetic diversity analysis of different age of a Dalian population of the Manila clam *Ruditapes philippinarum* by EST-SSR

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

1 Engineering Research Center of Shellfish Culture and Breeding in Liaoning Province, College of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China

2 Taihu Middle School of An Hui, Taihu 246400, China

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

Abstract: The genetic diversity and population structure of a Dalian (shihe) population of the wild Manila clam *Ruditapes philippinarum* with different ages were examined using SSR markers. The genetic diversity of the different ages (1 age, Age1; 2 age, Age2; and 3 age, Age3) was relatively high. Statistical analyses using POPGENE 1.31 and SPSS16.0

基金项目: 国家“863”高技术研究发展计划(2006AA10A410); 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-48)

收稿日期: 2011-05-15; **修订日期:** 2012-04-24

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yanxiwu2002@163.com; yanxiwu@dlou.edu.cn

showed that the sites of Rp-11, Rp-12, and Rp-19, as well as the number of alleles significantly differed among the three ages ($P < 0.01$); the sites of Rp-20, Rp-24, Rp-27, and Rp-30 also significantly differed ($P < 0.05$); and the remaining seven sites had no significant difference ($P > 0.05$). The average number of alleles per locus was 4.3095, the effective number of alleles was 2.3729, and the polymorphic loci percentage $P(\%)$ was 14. The observed heterozygosity and expected heterozygosity were high; the average observed heterozygosity was 0.2335 and the average expected heterozygosity was 0.514. The changes in the N_e and H_e age followed the trend Age2 > Age3 > Age1. The observed and expected heterozygosity for each age were 0.2357, 0.2546, and 0.2159, as well as 0.4951, 0.5286, and 0.5184, respectively. The Age2 genetic diversity index was higher than Age1 and Age3, whereas genetic differentiation was relatively low among the three groups. Among them, the minimum Age1- and Age3-clam genetic distance was 0.0195, which was a small variation. In contrast, the genetic distance between Age1 and Age2 was 0.0437, indicating a small range (0.0195—0.0437). From a numerical point of view, there was great genetic similarity among the three ages of clams, with an average genetic identity of 0.9655. Age1 and Age3 have a genetic similarity of up to 0.9807, whereas the degree of similarity between Age1 and Age2 was small (0.9572). The clams with different ages had a very high degree of similarity. The calculated average genetic distances using the UPGMA clustering method revealed a smaller genetic distance between Age3 and Age1 clams than between Age3 and Age2 clams. Allele frequencies, calculated by the chi-square test, showed changes in the population structure with age, changes in parts of the gene, decreased allele frequency, and some alleles becoming fixed. The overall genetic differentiation was low, with an F_{st} values of 0.0248 ($P < 0.05$) for the Manila clam population of Dalian. The coefficient of gene differentiation in the different ages was 0.02, which showed that 2% of the total arose from differences among age groups. The genetic distance and genetic identity average between age classes were 0.035 and 0.9655, respectively. The mean gene flow ($N_m = 9.8238$) was relatively smooth, and the age classes of genetic differentiation within a population of clams were less affected.

Key Words: *Ruditapes philippinarum*; age; SSR; genetic diversity; genetic differentiation

遗传多样性主要是指种内不同群体和个体间的遗传多态性程度。种内的遗传变异或遗传多样性也是遗传学中所常称的多态性。遗传多样性可以表现在外部形态上、生理代谢上,也可表现在染色体、DNA 分子等水平上^[1]。遗传多样性的根本来源可以归因于遗传物质的改变—突变和重组^[2-3]。遗传变异普遍存在于许多物种内,自然选择和遗传漂变能改变基因频率在时间和空间上的分布^[4]。近年来,种群遗传多样性和遗传分化研究广被重视,其中多以等位酶作为遗传标记^[5]、分子标记^[6]等探讨物种的遗传结构。这在很大程度上可为生物育种、引种驯化、生物多样性保护和生物资源的合理开发利用等提供理论依据。

表达序列标签(expressed sequence tags, ESTs)是从 cDNA 文库中随机挑取克隆,对其进行一轮大规模测序所获得的部分 cDNA 的 5'端或 3'端序列。通过 ESTs 发展 EST-SSR 标记是一条非常有效的 SSR 分子标记开发途径^[7]。从 ESTs 中发掘 EST-SSR 标记避免了传统 SSR 标记开发需要构建基因组 DNA 文库等烦琐步骤;同时,EST-SSR 来自表达基因,可能与基因功能表达具有直接或间接的关系,在动植物基因组中随机分布,具有共显性遗传、多态性高、稳定性好和操作简单等优点^[8],从而强化了 EST-SSR 标记在遗传学领域研究中的应用。

菲律宾蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)广泛分布在我国南北沿海,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 320 万 t,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^[9]。目前,对菲律宾蛤仔的研究主要集中在苗种繁育,新品种选育及其病害防治等工作上,对于遗传多样性的报道很少,仅见于李旭光^[10]、闫喜武等^[11]对不同地理群体遗传结构分析和虞志飞等^[12]报道了不同世代蛤仔的遗传多样性。近年来,随着蛤仔养殖业的迅猛发展,南苗北养现象十分严重,导致我国野生型蛤仔数量急剧减少,即使是野生群体,也遭受了不

同程度基因渐渗。其中,大连石河野生型蛤仔位于渤海普兰店湾内,上有淡水注入,这里的内湾环境导致此处野生型蛤仔受到外来群体影响较小,几乎不存在基因交流。菲律宾蛤仔为多年生软体动物,一般生活周期为 3a,4 龄蛤仔就很难找到了,但也有少数个体可以生活至 7—8a。本研究采用 14 对 EST-SSR 引物对同一群体内的 3 个年龄段蛤仔进行研究,旨在探讨不同年龄结构蛤仔种群内的遗传多样性和遗传分化,揭示年龄结构对群体组成影响,预测群体的发展趋势,为蛤仔种质资源利用和开发提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

野生蛤仔采自大连石河镇普兰店湾,在该群体中随机选取活体 1 龄(Age1)、2 龄(Age2)和 3 龄(Age3)蛤仔,每个年龄段样品各 60 个,带回实验室取样后-80 冰箱保存备用。其中,参照 Jones^[13]方法并结合蛤仔生长状况对其年龄进行了鉴定。将蛤仔贝壳横切,水磨,在其横切面上有 1 个明显的深色生长纹交界痕迹,其壳长在 1.5—2.0 cm 为 1 龄段蛤仔;横切面上有 2 个深色交界痕迹,其壳长在 2.5—3.5 cm 为 2 龄段蛤仔;横切面上有 3 个深色交界痕迹,其壳长在 3.5—4.5 cm 为 3 龄段蛤仔。

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^[14]抽提 DNA, Age1、Age2、Age3 分别提取 60 个 DNA 样品,挑选质量好的 DNA 用 ddH₂O 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:均为本实验室开发获得(表 1)^[11],引物由上海生工合成。

PCR 扩增总体积为 25 μL,其中模板 DNA 1μL,10×PCR Buffer 2.5μL, Taq 酶(5 U/μL)(大连宝生物) 0.2μL,上、下游引物(10μmol/L)各 1μL, dNTP 混合物(10 mmol/L) 0.5μL, Mg²⁺(25 mmol/L) 1.5μL,用 ddH₂O 补足至 25μL。PCR 反应程序:94℃预变性 5 min;然后 94℃变性 1 min;50—58℃退火 1 min;72℃延伸 40 s;30 个循环;72℃延伸 10 min;4℃保存。得到的 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, UVP 凝胶成像系统(BioSpectrum® AC Imaging System, USA)成像。

1.3 数据统计与分析

电泳凝胶经 UVP 凝胶成像系统(BioSpectrum® AC Imaging System, USA)成像,结合凝胶电泳分析软件 Gel-Pro Analyzer 4.0 根据标准 Marker(DL100)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。计算各个群体样本的等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)^[15]、观察杂合度(H_o)和预期杂合度(H_e)^[16]以及 F_{is} 、 F_{st} 值的 F -分析和基于基因型的 P 值^[17]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:

有效等位基因数 $N_e = 1 / \sum_{i=1}^n P_i^2$, P_i 为该位点上第 i 个等位基因的频率。

观察杂合度 $H_o = \text{杂合子观察数} / \text{观察个体总数}$ 。

期望杂合度 $H_e = 1 - \sum P_i^2$, 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

$I = \sum (X_i Y_i) / \{ \sum (X_i)^2 \sum (Y_i)^2 \}^{1/2}$, 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 $D = -\ln I$

遗传变异的计算多态位点百分率(P): $P = (k/n) \times 100\%$, k 为多态位点的数目, n 为所测定基因位点的总和。多态位点的标准按 Nei 氏^[18]的 0.99 划分,即最常见的等位基因出现的频率小于或等于 0.99。

遗传分化的测定基因分化系数 $G_{ST} = D_{ST} / H_T$, 式中 D_{ST} 为种群间的基因多样性; H_T 为基因多样性总量。

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 Microsatellite Loci	注册号 GenBank	引物序列(5'→3') Primer sequences (5'→3')	核心序列 Core sequences	PCR 片段长度 PCR fragment size/(bp)	退火温度 Annealing temperature/℃
Rp-01	AM873704	F: 5' GTTTATTACCAACGCTCCT 3' R: 5' TTCCCATTCACITTCCAG 3'	(AT) ₅	175—203	51
Rp-03	AM873616	F: 5' CCGCTGTGAGGAGACCAA 3' R: 5' CCGCTATGTGACAAAATGA 3'	(TTG) ₆	165—207	58
Rp-06	AM877258	F: 5' TGTCATAGTGGGTTTCAGG 3' R: 5' ATTTCAITTAATTGGAGGC 3'	(TC) ₅	120—161	52
Rp-07	AM874000	F: 5' TATGGCTGGTTTGGACTG 3' R: 5' TCCCGTTACACTTACTTTCA 3'	(AT) ₇	110—141	51
Rp-08	AM873997	F: 5' AAGGTTTGGCTGTGAGGA 3' R: 5' TCCCGTTACACTTACTTTCATC 3'	(AT) ₇	151—178	54
Rp-11	AM873203	F: 5' CAAATGAAGTTGGGAAGT 3' R: 5' GCCTGGCTAAATAAGTAA 3'	(TA) ₅	210—242	50
Rp-12	AM875824	F: 5' TTTATTTACCAACGCTCCT 3' R: 5' TCCCTATTTTCCATTCA 3'	(AT) ₅	182—205	50
Rp-13	AM874836	F: 5' ACAAGGTGATGTGAGGTG 3' R: 5' TCTGTCATCAGTGAAAGGC 3'	(AT) ₅	138—165	55
Rp-18	AM877316	5' CCAAGACGATCCGAACAT 3' 5' TATGCCGCAAAATGAACA 3'	(TA) ₅	185—208	53
Rp-19	AM873668	5' AGATGAACCGAGTAAGCC 3' 5' CTGGTCCAGTGATAAAACAA 3'	(AG) ₈	135—187	53
Rp-20	AM877651	5' CCAGACAAAATTTTCAGTG 3' 5' CCCTAGTTCCAACATCAT 3'	(TA) ₅	165—258	50
Rp-24	AM875673	5' ATGACCTCTTCAAGGGCTAA 3' 5' GCGTGACATACAGGCAAC 3'	(TA) ₅	106—128	55
Rp-27	AM872428	5' ATGAAATCAGTGGGAGTG 3' 5' AAAGAGTGATCCGACAGC 3'	(TG) ₅	189—258	53
Rp-30	AM873306	5' TTCGAGGCTTAAAGTCTA 3' 5' ACGACATTTCAATACACG 3'	(TG) ₅	171—211	50

F:上游引物; R:下游引物

2 结果

2.1 PCR 扩增结果

从随机挑选的 30 对菲律宾蛤仔微卫星引物中筛选出 14 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-19 对 Age1、Age2、Age3 3 个年龄段蛤仔的扩增结果。

2.2 不同年龄段蛤仔的遗传多样性

根据 POPGENE 1.31 和 SPSS16.0 统计分析显示,不同年龄段蛤仔的等位基因频率如表 2,位点 Rp-11、Rp-12、Rp-19 对 3 个年龄段蛤仔的等位基因数差异极显著($P<0.01$);位点 Rp-20、Rp-24、Rp-27、Rp-30 对其差异显著($P<0.05$);剩余 7 个位点表现为差异不显著($P>0.05$)。不同年龄段蛤仔遗传变异指标如表 3,在平均水平上,每位点等位基因数目 N_a 为 4.3095,有效等位基因数目 N_e 为 2.3729,多态位点百分数 $P(\%)$ 为 14。观察杂合度和期望杂合度都比较高,观察杂合度平均为 $H_o = 0.2335$,期望杂合度平均为 $H_e = 0.5140$ 。而且, N_e 和 H_e 随年龄的变化表现出 Age2>Age3>Age1 的趋势。

2.3 不同年龄段蛤仔的遗传与分化

不同年龄段蛤仔的遗传分化非常低,总的遗传多样性为 0.5245,遗传分化系数 G_{st} 为 0.02(表 4),表明总的遗传多样性有 2% 来自不同年龄段的蛤仔之间。而这一结果与 $F_{st}=0.0248$ ($F_{st}<0.05$)一致。采用 F_{st} 法计算出的多态位点基因流, $N_m = 9.8238$ (表 5)。基因流 $N_m>1$,表明各年龄段间的蛤仔尚未出现较大的遗传分化。

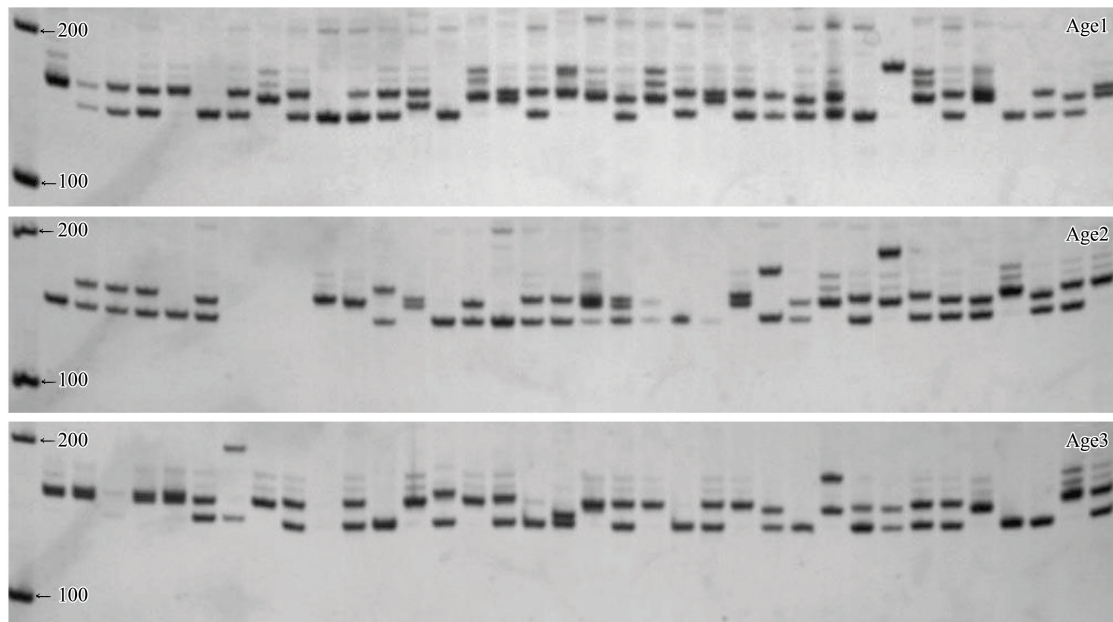


图1 微卫星位点 Rp-19 在不同年龄段蛤仔中的扩增结果

Fig. 1 Expansion results of Microsatellite loci Rp-19 in different age of Manila clam

表2 不同年龄段蛤仔的等位基因频率

Table 2 Allele frequencies in different age of Manila clam

位点 Loci	等位基因 Allele	Age1 (N=60)	Age2 (N=60)	Age3 (N=60)	P	位点 Loci	等位基因 Allele	Age1 (N=60)	Age2 (N=60)	Age3 (N=60)	P
Rp-01	A	0.1224	0.1633	0.1739		Rp-13	A	0.0536	0.0213	0.0179	
	B	0.8776	0.8061	0.8261			B	0.0982	0.0638	0.0714	
	C	0.0000	0.0306	0.0000			C	0.8393	0.8617	0.8661	
Rp-03	A	0.0088	0.0175	0.0385		Rp-18	D	0.0089	0.0532	0.0446	
	B	0.1667	0.2632	0.1442			A	0.0500	0.0182	0.0625	
	C	0.4474	0.4211	0.3846			B	0.9250	0.9273	0.9286	
	D	0.2807	0.2018	0.3365		Rp-19	C	0.0250	0.0545	0.0089	
	E	0.0965	0.0965	0.0962			A	0.0254	0.0089	0.0345	* *
Rp-06	A	0.0300	0.0312	0.0750			B	0.0169	0.0268	0.0172	
	B	0.4500	0.4688	0.5625			C	0.3898	0.1071	0.1724	
	C	0.2000	0.1458	0.1375			D	0.161	0.2857	0.2759	
	D	0.3000	0.3021	0.2250			E	0.0169	0.1339	0.0603	
	E	0.0200	0.0521	0.0000			F	0.3898	0.4375	0.4397	
Rp-07	A	0.0595	0.0727	0.0761		Rp-20	A	0.0673	0.0588	0.0000	*
	B	0.1786	0.0909	0.0978			B	0.2788	0.1275	0.1909	
	C	0.5595	0.5727	0.6304			C	0.3173	0.3333	0.3182	
	D	0.1548	0.2000	0.1413			D	0.1827	0.2059	0.1636	
	E	0.0476	0.0636	0.0543			E	0.0481	0.0882	0.1091	
Rp-08	A	0.1140	0.1078	0.1810		Rp-24	F	0.0769	0.0980	0.1818	
	B	0.5614	0.6176	0.5431			G	0.0288	0.0882	0.0364	
	C	0.2368	0.2059	0.1810			A	0.6042	0.7714	0.5400	*
	D	0.0877	0.0490	0.0948			B	0.3438	0.2000	0.4000	
	E	0.0000	0.0196	0.0000			C	0.0521	0.0286	0.0600	
Rp-11	A	0.0583	0.0893	0.1167	* *	Rp-27	A	0.0156	0.0270	0.0135	*
	B	0.1000	0.1250	0.0750			B	0.6719	0.6486	0.5135	

续表

位点 Loci	等位基因 Allele	Age1 (N=60)	Age2 (N=60)	Age3 (N=60)	P	位点 Loci	等位基因 Allele	Age1 (N=60)	Age2 (N=60)	Age3 (N=60)	P
Rp-12	C	0.8250	0.7143	0.6000	* *	Rp-30	C	0.1406	0.2973	0.3649	*
	D	0.0167	0.0625	0.1833			D	0.1719	0.027	0.1081	
	E	0.0000	0.0089	0.025			A	0.1389	0.1346	0.0577	
	A	0.0000	0.0517	0.0167			B	0.6204	0.6154	0.7115	
	B	0.1186	0.2414	0.1333			C	0.1852	0.1154	0.1923	
	C	0.8136	0.3276	0.7917			D	0.0556	0.1346	0.0385	
	D	0.0678	0.3793	0.0583							

* $P<0.05$ 差异显著, * * $P<0.01$ 差异极显著

表 3 不同年龄段蛤仔的遗传变异性指标

Table 3 Indexes of genetic variability in different age of Manila clam (parentheses are the standard errors)

参数 Parameter	Age1±SD	Age2±SD	Age3±SD	平均水平 Average level
每位点等位基因数 N_a	4.21±1.31	4.5±1.16	4.21±1.12	4.31
多态位点百分数 $P\%$	14	14	14	14
有效等位基因数 N_e	2.28±0.93	2.46±1.05	2.38±0.97	2.37
观察杂合度 H_o	0.24±0.16	0.25±0.16	0.22±0.17	0.24
期望杂合度 H_e	0.50±0.20	0.53±0.20	0.52±0.19	0.51

表 4 不同年龄段蛤仔基因多样性的分配和分化

Table 4 Apportionment of gene diversity and differentiation in different age of Manila clam

位点 Loci	总遗传多样性 H_T Total genetic diversity	年龄段内遗传多样性 H_S Genetic diversity inner different age	年龄段间遗传多样性 D_{ST} Genetic diversity among different age	基因分化系数 G_{ST} The coefficient of gene differentiation
Rp-01	0.2773	0.2773	0.0000	—
Rp-03	0.7065	0.7045	0.0020	—
Rp-06	0.6562	0.6534	0.0028	—
Rp-07	0.6067	0.6058	0.0009	—
Rp-08	0.6066	0.6056	0.0010	—
Rp-11	0.4673	0.4574	0.0099	—
Rp-12	0.5279	0.4570	0.0709	—
Rp-13	0.2608	0.2608	0.0000	—
Rp-18	0.1385	0.1385	0.0000	—
Rp-19	0.7099	0.6931	0.0168	—
Rp-20	0.7994	0.7963	0.0031	—
Rp-24	0.5031	0.4797	0.0234	—
Rp-27	0.5473	0.5341	0.0132	—
Rp-30	0.5357	0.5324	0.0033	—
Mean	0.5245	0.5140	0.0105	0.02

不同年龄段蛤仔存在着很低的遗传分化($G_{st} = 0.02$),彼此间遗传距离很小,平均 D 为 0.0351。其中, Age1 与 Age3 蛤仔遗传距离最小, D 为 0.0195,即变异很小;而 Age1 与 Age2 遗传距离较大, D 为 0.0437,变化范围不大(0.0195—0.0437)。从遗传一致度的数值上看了 3 个年龄段蛤仔的遗传相似程度很大,平均为 0.9655。Age1 与 Age3 遗传相似程度高达 0.9807,而 Age1 与 Age2 相似程度较小为 0.9572 (表 6)。说明不同年龄段蛤仔相似程度非常高。根据不同年龄段蛤仔的遗传距离,采用 UPGMA 平均聚类方法对其进行聚类(图 2)可知, Age3 与 Age1 蛤仔间遗传距离较小,与 Age2 蛤仔差异较大(图 2)。

表 5 不同年龄段蛤仔多态位点的 F -统计和基因流

Table 5 Summary of F-statistics and gene flow of Polymorphic loci in different age of Manila clam							
位点 Loci	近交系数 F_{is}			近交系数 F_{is}	总近交系数 F_{it}	F -统计量 F_{st}	基因流 N_m^*
	Inbreeding coefficient			Inbreeding coefficient	Total inbreeding	F-statistics	Gene flow
	1 龄 Age1	2 龄 Age2	3 龄 Age3	平均水平 Average level	平均水平 Average level	平均水平 Average level	平均水平 Average level
Rp-01	0.4302	0.5571	0.5461	0.5202	0.5230	0.0058	—
Rp-03	0.3843	0.3014	0.2115	0.2981	0.3046	0.0093	—
Rp-06	0.5797	0.5922	0.4248	0.5353	0.5392	0.0082	—
Rp-07	0.6954	0.7928	0.6533	0.7154	0.7169	0.0054	—
Rp-08	0.6954	0.4066	0.8086	0.6114	0.6134	0.0052	—
Rp-11	0.3458	0.3046	0.5169	0.4058	0.4243	0.0311	—
Rp-12	0.7878	0.7744	0.5263	0.7133	0.7545	0.1435	—
Rp-13	0.7878	0.2344	0.5582	0.3387	0.3412	0.0038	—
Rp-18	0.4100	0.4686	0.8665	0.5777	0.5799	0.0051	—
Rp-19	-0.0135	0.103	0.2318	0.1086	0.1348	0.0294	—
Rp-20	0.6276	0.6086	0.6775	0.6378	0.6417	0.0107	—
Rp-24	0.9190	0.6861	1.0000	0.8904	0.8942	0.0342	—
Rp-27	0.4364	0.7239	0.6800	0.6167	0.6288	0.0317	—
Rp-30	0.6684	0.5291	0.7447	0.6399	0.6441	0.0118	—
平均 Mean	0.5539	0.5059	0.6033	0.5379	0.5494	0.0248	9.8238

表 6 不同年龄段蛤仔的遗传距离(下三角)和遗传一致度(上三角)

Table 6 Genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) in different age of Manila clam				
遗传距离 Inherit distance	Age1	Age2	Age3	
Age1	* * * *	0.9572	0.9807	
Age2	0.0437	* * * *	0.9587	
Age3	0.0195	0.0422	* * * *	

3 讨论

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^[19-21]。在本研究中,每个位点的有效等位基因数为 1.1544—5.0407,与李旭光等^[20]通过同工酶检测到的有效等位基因数(1.4891—1.6325)相比是比较多的。3 个年龄段种群的平均观察和期望杂合度分别为 0.0728—0.678、0.135—0.8096。也比同工酶所报道的高。与闫喜武等^[11]研究的 3 个地理群体蛤仔平均观测和期望杂合度(0.2383—0.4387 和 0.5526—0.6488)相比,结果相差不大。与 Yasuda 等^[22]研究的蛤仔群体 H_o =0.136—0.909, H_e =0.553—0.954 的结果相差亦不大。表明 3 个年龄段蛤仔遗传多样性较高且年龄段内差异不显著,这可能还与蛤仔生长的生态环境因素等有关。

根据 Wright^[23]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。不同年龄段蛤仔总的遗传分化指数 FST 为 0.0248,表明所有年龄级蛤仔遗传分较低。Linhart 等^[24]在研究 *pinus ponderosa* 种群不同年龄级研究中没有发现显著差异,认为时间上的遗传分化远小于空间上的遗传分化。Gregorius 等^[25]在研究 *Fagus sylvatica* 中,经过连续 2a 种子的检测,得到的遗传分化很小。李建辉等^[26]研究了不同年龄级长叶榲桲群体发现,不同年龄级的遗传多样性水平较低,不同年龄级间遗传分化程度较高,并且从

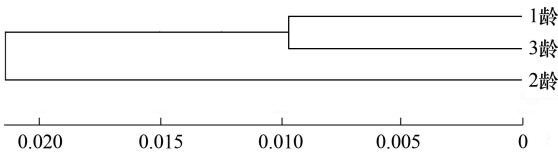


图 2 不同年龄段蛤仔的 UPGMA 聚类图
Fig. 2 UPGMA dendrogram in different age of Manila clam population

成体到幼苗,遗传多样性呈现衰退现象。本研究也表明蛤仔同一种群内不同年龄段的分化程度很低,这可能与蛤仔基因流很大有关。本研究中 $N_m = 9.8238$, Wright 认为种群间基因流大于 1,则能发挥均质化作用,反之,则表明基因流成了遗传分化的主要原因^[27],不同年龄段蛤仔基因流大,说明蛤仔繁殖过程中,各个年龄段个体均参与了繁殖活动,这还可能与其生活史中幼虫随海水漂流造成的遗传漂变和外来群体基因对其造成的基因渐渗等有关。

迄今为止,尚未发现有关贝类不同年龄段之间遗传多样性研究的报道。本研究中所选择的 3 个年龄段蛤仔,在世代上虽不是连续的,而是来自于同一个野生群体,但可代表蛤仔生活史中老、中、幼贝 3 个阶段。蛤仔 Age1、Age2、Age3 3 个年龄段的遗传结构存在一定的差异:由 N_a 、 H_o 等数据可知, Age2 遗传多样性高于 Age1 及 Age3。据 SSR 分析结果可知:个别等位基因随着年龄结构的的增长而逐渐增多的情况,可能是在蛤仔从幼苗到成体到老化生命过程中,由于生活环境的影响,一部分基因逐渐得到了纯化(如:抗逆、耐高温基因等);同样地,个别等位基因随着年龄结构的的增长而逐渐减少的情况,可能是由于蛤仔经历幼、中、老 3 个阶段的过程的同时出现了基因频率出现减少现象,这在许多植物研究中也得到了进一步的证实^[26, 28-29]。然而,在本研究中,也出现了 Age2 种群在位点 Rp-12、Rp-24 中有个别等位基因与 Age1、Age3 表现为差异显著或极显著的现象,分析其原因可能是存在某种选择压力而导致不同年龄段间等位基因频率变化^[30]。通过揭示同一野生群体内不同年龄段菲律宾蛤仔遗传多样性对于制定保护策略和管理方案具有重要的参考价值。SSR 分析显示,不同年龄段蛤仔遗传多样性较高,不同年龄段间遗传分化程度较低,并且从 Age3—Age1 过渡过程中, Age2 蛤仔具有较高的遗传多样性。根据这一结果,建议在保护的过程中,要制止外来群体对野生群体基因资源的破坏,以免降低本土资源的遗传多样性,为建立菲律宾蛤仔原良种基地奠定基础。其次,在菲律宾蛤仔苗种培育的亲本选择中尽量使用 2 龄亲本,它可能是最优亲本,对子代遗传贡献最大,可以用来维持较高的群体遗传多样性。最后,应尽量减少海水污染,禁止过度捕捞,以免野生资源上失殆尽,已达到保护菲律宾蛤仔生物多样性的目的。

References:

- [1] Shi L M, Su B, Zhang Y P. Introduction//Ji W Z, Su B, eds. Genetic Diversity of the Principles and Methods. Hangzhou: Zhejiang Science and Technology Press, 1999.
- [2] Ayala F J, Kiger J A. Modern Genetics. 2nd ed. Menlo Park: Benjamin-Cummings, 1984.
- [3] Grant V. The Evolutionary Process: A Critical Study of Evolutionary Theory. 2nd ed. New York: Columbia University Press, 1991.
- [4] Endler J A. Genetic heterogeneity and ecology//Berry R J, ed. Genes in Ecology (First Published in 1992). Oxford: Blackwell Scientific Publications, 1994.
- [5] Spieth P T. Gene flow and genetic differentiation. Genetics, 1974, 78(3): 961-965.
- [6] 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.
- [7] Eujayl I, Sorrells M E, Wolters P, Powell W. Isolation of EST-derived microsatellite markers for genotyping the A and B genomes of wheat. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 104(2/3): 399-407.
- [8] Poewell W, Machray G C, Provan J. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. Trends in Plant Science, 1996, 1(7): 215-222.
- [9] Zhang G F, Yan X W. Manila Clam Aquaculture. Beijing: Science Press, 2010.
- [10] 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.
- [11] Yan X W, Yu Z F, Qin Y J, Yang F, Wang J H, Zhang Y H, Yang F, Zhang G F. Development of EST-SSRs markers and analysis of genetic diversities among different geographical populations of Manila clam *Ruditapes philippinarum*. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(15): 4190-4198.
- [12] 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.
- [13] Jones D S. Growth rings and longevity in Bivalves. American Conchologist, 1989, 17(1): 12-13.
- [14] 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.
- [15] Kimura M, Crow J F. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 1964, 49(4): 725-738.
- [16] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 1978, 89(3): 583-590.
- [17] Levene H. On a matching problem arising in genetics. *The Annals of Mathematical Statistics*, 1949, 20(1): 91-94.
- [18] Nei M. *Molecular Population Genetic and Evolution*. Amsterdam and New York: North Holland Publishing Company, 1975.
- [19] Sato M, Kawanatak K, Zaslavskaya N, Nakamura A, Ohta T, Nishikiori T, Brykov V, Nagashima 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.
- [20] 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.
- [21] Valles-Jimenez R, Cruz P, Enriquez R P. Population genetic structure of Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) from Mexico to Panama: microsatellite DNA variation. *Marine Biotechnology*, 2004, 6(5): 475-484.
- [22] Yasuda N, Nagai S, Yamaguchi S, Lian C L, Hamaguchi M. Development of microsatellite markers for the Manila clam *Ruditapes philippinarum*. *Molecular Ecology Notes*, 2007, 7(1): 43-45.
- [23] Wright J M, Bentzen P. Microsatellites: genetic markers for the future. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 1994, 4(3): 384-388.
- [24] Linhart Y B, Mitton J B, Sturgeon K B, Davis M L. Genetic variation in space and time in a population of ponderosa pine. *Heredity*, 1981, 46(3): 407-426.
- [25] Gregorius H R, Krauhausen J, Müller-Starck G. Spatial and temporal genetic differentiation among the seed in a stand of *Fagus sylvatica* L. *Heredity*, 1986, 57(2): 255-262.
- [26] Li J H, Jin Z X, Li J M. RAPD and ISSR analysis on genetic diversity of different life stages in the population of *Torreya jackii*, an endangered plant in China. *Journal of Zhejiang University: Science Edition*, 2010, 37(1): 104-111.
- [27] Wang Z R. *Allozyme Analysis of Plants*. Beijing: Science Press, 1996: 77-119.
- [28] Gao S H, Wang Z F, Zhang J L, Tian S N. Genetic diversity of *Cryptocarya chinensis* life stages in Dinghu Mountain, China. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, 2005, 44(B06): 209-212.
- [29] Wang Z F, Gao S H, Tian S N, Fu S L, Ren H, Peng S L. Genetic structure of *Cryptocarya chinensis* in fragmented lower subtropical forests in China based on ISSR markers. *Chinese Biodiversity*, 2005, 13(4): 324-331.
- [30] Merrell D J. *Ecological Genetics*//Huang R F, Wei R C, Yan Y X, Translation. Beijing: Science Press, 1991.

参考文献:

- [1] 施立明, 宿兵, 张亚平. 概论//季维智, 宿兵, 主编. 遗传多样性研究的原理与方法. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1999.
- [9] 张国范, 闫喜武. 蛤仔养殖学. 北京: 科学出版社, 2010.
- [10] 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.
- [11] 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. *生态学报*, 2011, 31(15): 4190-4198.
- [12] 虞志飞, 闫喜武, 杨菲, 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.
- [26] 李建辉, 金则新, 李钧敏. 濒危植物长叶榧群体不同年龄级遗传多样性的 RAPD 和 ISSR 分析. *浙江大学学报: 理学版*, 2010, 37(1): 104-111.
- [27] 王中仁. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社, 1996: 77-119.
- [28] 高三红, 王峥峰, 张军丽, 田胜尼. 鼎湖山厚壳桂 *Cryptocarya chinensis* 不同年龄级种群遗传多样性. *中山大学学报: 自然科学版*, 2005, 44(B06): 209-212.
- [29] 王峥峰, 高三红, 田胜尼, 傅声雷, 任海, 彭少麟. 亚热带森林片断化对厚壳桂种群遗传结构的影响. *生物多样性*, 2005, 13(4): 324-331.
- [30] Merrell D J. *生态遗传学*//黄瑞复, 魏蓉城, 晏一祥, 译. 北京: 科学出版社, 1991.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol.32 ,No.15 August ,2012(Semimonthly)

CONTENTS

Effects of grazing on litter decomposition in two alpine meadow on the eastern Qinghai-Tibet Plateau	ZHANG Yanbo, LUO Peng, SUN Geng, et al (4605)
Distribution pattern and their influencing factors of invasive alien plants in Beijing	WANG Suming, ZHANG Nan, YU Linqian, et al (4618)
Simulation of CO ₂ and H ₂ O fluxes over temperate mixed forest and sensitivity analysis of layered methods: stomatal conductance-photosynthesis-energy balance coupled model	SHI Tingting, GAO Yufang, YUAN Fenghui, et al (4630)
Analysis on the responses of flood storage capacity of Dongting Lake to the changes of landscape patterns in Dongting Lake area	LIU Na, WANG KeLin, DUAN Yafeng (4641)
Integrated water risk assessment in Daliao River estuary area	YU Ge, CHEN Jing, ZHANG Xueqing, et al (4651)
Discussion on the standardized method of reference sites selection for establishing the Benthic-Index of Biotic Integrity	QU Xiaodong, LIU Zhigang, ZHANG Yuan (4661)
Genetic diversity analysis of different age of a Dalian population of the Manila clam <i>Ruditapes philippinarum</i> by EST-SSR	YU Zhifei, YAN Xiwu, ZHANG Yuehuan, et al (4673)
Geostatistical analysis of spatial heterogeneity of yellowfin tuna (<i>Thunnus albacares</i>) purse seine catch in the western Indian Ocean	YANG Xiaoming, DAI Xiaojie, ZHU Guoping (4682)
Seasonal differences in habitat selection of the Crocodile lizard (<i>Shinisaurus crocodilurus</i>) in Luokeng Nature Reserve, Guangdong	WU Zhengjun, DAI Dongliang, NIN Jiajia, et al (4691)
Soil physical and chemical properties in forest succession process in Xinglong Mountain of Gansu	WEI Qiang, LING Lei, CHAI Chunshan, et al (4700)
Dynamics of soil organic carbon and total nitrogen contents in short-rotation triploid <i>Populus tomentosa</i> plantations	ZHAO Xuemei, SUN Xiangyang, KANG Xiangyang, et al (4714)
Grazing effects on eco-stoichiometry of plant and soil in Hulunbeir, Inner Mongolia	DING Xiaohui, GONG Li, WANG Dongbo, et al (4722)
Effect of elevated ultraviolet-B (UV-B) radiation on CH ₄ emission in herbicide resistant transgenic rice from a paddy soil	LOU Yunsheng, ZHOU Wenlin (4731)
NMR spectroscopy based metabolomic analysis of <i>Thellungiella salsuginea</i> under salt stress	WANG Xinyu, WANG Lihua, YU Ping, et al (4737)
Screening and identification of associative nitrogen fixation bacteria in rhizosphere of sugarcane in Guangxi	HU Chunjin, LIN Li, SHI Guoying, et al (4745)
Effects of different rice-crab production modes on soil labile organic carbon and enzyme activities	AN Hui, LIU Mingda, WANG Yaojing, et al (4753)
The characteristics of soil microbial communities at burned forest sites for the Great Xingan Mountains	BAI Aiqin, FU Bojie, QU Laiye, et al (4762)
Changes of soil faunal communities during the restoration progress of <i>Abies faxoniana</i> Forests in Northwestern Sichuan	CUI Liwei, LIU Shirong, LIU Xingliang, et al (4772)
The effects of the endophytic fungus <i>Ceratobasidium stevensii</i> B6 on <i>Fusarium oxysporum</i> in a continuously cropped watermelon field	XIAO Yi, DAI Chuanchao, WANG Xingxiang, et al (4784)
Population ecology of <i>Aulacoseira granulata</i> in Xijiang River	WANG Chao, LAI Zini, LI Yuefei, et al (4793)
Evaluation of ecosystem sustainability for large-scale constructed wetlands	ZHANG Yiran, WANG Renqing, ZHANG Jian, et al (4803)
MIS3b vegetation and climate changes based on pollen and charcoal on Qianxi Plateau	ZHAO Zengyou, YUAN Daoxian, SHI Shengqiang, et al (4811)
The effects of stemflow on the formation of "Fertile Island" and "Salt Island" for <i>Haloxylon ammodendron</i> Bge	LI Congjuan, LEI Jiaqiang, XU Xinwen, et al (4819)
Accumulation and translocation of dry matter and nutrients of wheat rotated with legumes and its relation to grain yield in a dryland area	YANG Ning, ZHAO Hubing, WANG Zhaohui, et al (4827)
Occurrence characteristics of <i>akashiwo sanguinea</i> bloom caused by land source rainwater	LIU Yihao, SONG Xiukai, JIN Yang, et al (4836)
Analysis on landscape pattern change and its driving forces of Yancheng National Natural Reserve	WANG Yanfang, SHEN Yongming (4844)
Resource potential assessment of urban roof greening and development strategies: a case study in Futian central district, Shenzhen, China	SHAO Tianran, LI Chaosu, ZENG Hui (4852)
Analysis of the dynamic coupling processes and trend of regional eco-economic system development in the Yellow River Delta	WANG Jieyong, WU Jianzhai (4861)
The diversity parameters of butterfly for ecological function divisions in Chongqing	LI Aimin, DENG Heli, MA Qi (4869)
Review and Monograph	
Responses of soil respiration to different environment factors in semi-arid and arid areas	WANG Xinyuan, LI Yulin, ZHAO Xueyong, et al (4890)
Temperature sensitivity of soil respiration: uncertainties of global warming positive or negative feedback	LUAN Junwei, LIU Shirong (4902)
The primary factors controlling methane uptake from forest soils and their responses to increased atmospheric nitrogen deposition: a review	CHENG Shulan, FANG Huajun, YU Guirui, et al (4914)
The research progresses on biological oxidation and removal of nitrogen in lakes	FAN Junnan, ZHAO Jianwei, ZHU Duanwei (4924)
Scientific Note	
Cutting effects on growth and wastewater purification of <i>Cyperus alternifolius</i> in constructed wetland	LÜ Gaiyun, HE Huaidong, YANG Danjing, et al (4932)

《生态学报》2012 年征订启事

《生态学报》是中国生态学学会主办的自然科学高级学术期刊,创刊于 1981 年。主要报道生态学研究原始创新性科研成果,特别欢迎能反映现代生态学发展方向的优秀综述性文章;研究简报;生态学新理论、新方法、新技术介绍;新书评介和学术、科研动态及开放实验室介绍等。

《生态学报》为半月刊,大 16 开本,280 页,国内定价 70 元/册,全年定价 1680 元。

国内邮发代号:82-7 国外邮发代号:M670 标准刊号:ISSN 1000-0933 CN 11-2031/Q

全国各地邮局均可订阅,也可直接与编辑部联系购买。欢迎广大科技工作者、科研单位、高等院校、图书馆等订阅。

通讯地址:100085 北京海淀区双清路 18 号 电 话:(010)62941099; 62843362

E-mail: shengtaixuebao@rcees.ac.cn 网 址: www.ecologica.cn

编辑部主任 孔红梅 执行编辑 刘天星 段 靖

生 态 学 报
(SHENGTAI XUEBAO)
(半月刊 1981 年 3 月创刊)
第 32 卷 第 15 期 (2012 年 8 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 32 No. 15 (August, 2012)

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:100071	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@cspg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.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