

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第32卷 第13期 Vol.32 No.13 **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



生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

中国科学院科学出版基金资助出版

第 32 卷 第 13 期 2012 年 7 月 (半月刊)

目 次

砂质潮间带自由生活海洋线虫对缺氧的响应——微型受控生态系研究.....	华 尔, 李 佳, 董 洁, 等 (3975)
植物种群自疏过程中构件生物量与密度的关系	黎 磊, 周道玮, 盛连喜 (3987)
基于景观感知敏感度的生态旅游地观光线路自动选址.....	李继峰, 李仁杰 (3998)
基于能值的沼气农业生态系统可持续发展水平综合评价——以恭城县为例.....	杨 谨, 陈 彬, 刘耕源 (4007)
内蒙古荒漠草原植被盖度的空间异质性动态分析.....	颜 亮, 周广胜, 张 峰, 等 (4017)
典型草地的土壤保持价值流量过程比较.....	裴 厦, 谢高地, 李士美, 等 (4025)
长沙市区马尾松人工林生态系统碳储量及其空间分布.....	巫 涛, 彭重华, 田大伦, 等 (4034)
厦门市七种药用植物根围 AM 真菌的侵染率和多样性	姜 攀, 王明元 (4043)
Cd、低 Pb/Cd 下冬小麦幼苗根系分泌物酚酸、糖类及与根际土壤微生物活性的关系	贾 夏, 董岁明, 周春娟 (4052)
凉水保护区土壤产类漆酶-多铜氧化酶细菌群落结构	赵 丹, 谷惠琦, 崔岱宗, 等 (4062)
盐渍化土壤根际微生物群落及土壤因子对 AM 真菌的影响.....	卢鑫萍, 杜 茜, 闫永利, 等 (4071)
菌丝室接种解磷细菌 <i>Bacillus megaterium</i> C4 对土壤有机磷矿化和植物吸收的影响.....	张 林, 丁效东, 王 菲, 等 (4079)
闽江河口不同河段芦苇湿地土壤碳氮磷生态化学计量学特征.....	王维奇, 王 纯, 曾从盛, 等 (4087)
高山森林三种细根分解初期微生物生物量动态.....	武志超, 吴福忠, 杨万勤, 等 (4094)
模拟降水对古尔班通古特沙漠生物结皮表观土壤碳通量的影响	吴 林, 苏延桂, 张元明 (4103)
铁皮石斛组培苗移栽驯化过程中叶片光合特性、超微结构及根系活力的变化	濮晓珍, 尹春英, 周晓波, 等 (4114)
不同产量水平旱地冬小麦品种干物质累积和转移的差异分析.....	周 玲, 王朝辉, 李富翠, 等 (4123)
基于作物模型的低温冷害对我国东北三省玉米产量影响评估.....	张建平, 王春乙, 赵艳霞, 等 (4132)
黄土高原 1961—2009 年参考作物蒸散量的时空变异.....	李 志 (4139)
莫莫格湿地芦苇对水盐变化的生理生态响应.....	邓春暖, 章光新, 李红艳, 等 (4146)
不同蚯蚓采样方法对比研究.....	范如芹, 张晓平, 梁爱珍, 等 (4154)
亚洲玉米螟成虫寿命与繁殖力的地理差异.....	涂小云, 陈元生, 夏勤雯, 等 (4160)
黑河上游天然草地蝗虫空间异质性与分布格局.....	赵成章, 李丽丽, 王大为, 等 (4166)
苦瓜叶乙酸乙酯提取物对斜纹夜蛾实验种群的抑制作用.....	骆 颖, 凌 冰, 谢杰峰, 等 (4173)
长江口中国花鲈食性分析.....	洪巧巧, 庄 平, 杨 刚, 等 (4181)
基于线粒体控制区序列的黄河上游厚唇裸重唇鱼种群遗传结构.....	苏军虎, 张艳萍, 娄忠玉, 等 (4191)
镉暴露对黑斑蛙精巢 ROS 的诱导及其蛋白质氧化损伤作用机理	曹 慧, 施蔡雷, 贾秀英 (4199)
北方草地牛粪中金龟子的多样性.....	樊三龙, 方 红, 高传部, 等 (4207)
合肥秋冬季茶园天敌对假眼小绿叶蝉和茶蚜的空间跟随关系.....	杨 林, 郭 骅, 毕守东, 等 (4215)
植被、海拔、人为干扰对大中型野生动物分布的影响——以九寨沟自然保护区为例.....	张 跃, 雷开明, 张语克, 等 (4228)
基于社会网络分析法的生态工业园典型案例研究.....	杨丽花, 佟连军 (4236)
基于生命周期的户用沼气系统可用能核算——以广西恭城瑶族自治县为例.....	齐 静, 陈 彬, 戴 婧, 等 (4246)
专论与综述	
水文情势与盐分变化对湿地植被的影响研究综述	章光新 (4254)
松嫩碱化草甸土壤种子库格局、动态研究进展	马红媛, 梁正伟, 吕丙盛, 等 (4261)
一种新的景观扩张指数的定义与实现	武鹏飞, 周德民, 官辉力 (4270)
研究简报	
华山新麦草光合特性对干旱胁迫的响应.....	李 倩, 王 明, 王雯雯, 等 (4278)
美丽海绵提取物防污损作用	曹文浩, 严 涛, 刘永宏, 等 (4285)

期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 306 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 37 * 2012-07



封面图说: 涵养水源——在长白山南坡的峭壁上, 生长在坡面上的森林所涵养的水源还在汨汨地往下流个不停, 深红色的落叶掉在了苔藓上, 这里已经是长白山的深秋了。虽然雨季已经过去了很久, 但是林下厚厚的枯枝落叶层、腐殖质层、苔藓草本层所涵养的水分还在不间断地流淌, 细细的水线在壁下汇成了溪、汇成了河。涵养水源是森林的主要生态功能之一。

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

DOI: 10.5846/stxb201106070757

苏军虎, 张艳萍, 娄忠玉, 刘焕章, 焦文龙, 杨建宝, 魏彦明. 基于线粒体控制区序列的黄河上游厚唇裸重唇鱼种群遗传结构. 生态学报, 2012, 32(13): 4191-4198.

Su J H, Zhang Y P, Lou Z Y, Liu H Z, Jiao W L, Yang J B, Wei Y M. Genetic structure of *Gymnoditychus pachycheilus* from the upper reaches of the Yellow River as inferred from *mtDNA* control region. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(13): 4191-4198.

基于线粒体控制区序列的黄河上游 厚唇裸重唇鱼种群遗传结构

苏军虎^{1,2}, 张艳萍², 娄忠玉², 刘焕章^{2,3}, 焦文龙², 杨建宝¹, 魏彦明^{1,2,*}

(1. 甘肃农业大学, 兰州 730070; 2. 甘肃省水产科学研究所 甘肃省冷水性鱼类种质资源与遗传育种重点实验室, 兰州 730030;
3. 中国科学院水生生物研究所, 武汉 430072)

摘要:采集黄河上游厚唇裸重唇鱼(*Gymnoditychus pachycheilus*)甘肃玛曲群体,测定其线粒体 DNA 控制区序列,并从 GenBank 中下载青海玛多和贵德等 3 地 2 个群体的同源序列,分析该物种的遗传多样性、遗传结构及其演化历史。从 81 条 729 bp 序列中,检测到 26 个变异位点(占 3.57%),碱基序列总的单倍型多样性为 0.844,核苷酸多样性为 0.0054,界定了 34 个单倍型,有 1 个广布单倍型 H2,占有样品的 38.27%。单倍型网络图显示单倍型没有明显的亲缘地理格局,H2 处于中心,呈星状发散,系统发育分析没有显示出单倍型与地理位置的对应关系。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厚唇裸重唇鱼近期经历了种群扩张。分析表明黄河上游 3 地种厚唇裸重唇鱼种群未出现分化,建议应作为一个整体进行保护。

关键词:黄河上游;厚唇裸重唇鱼;线粒体控制区;遗传结构

Genetic structure of *Gymnoditychus pachycheilus* from the upper reaches of the Yellow River as inferred from *mtDNA* control region

SU Junhu^{1,2}, ZHANG Yanping², LOU Zhongyu², LIU Huanzhang^{2,3}, JIAO Wenlong², YANG Jianbao¹, WEI Yanming^{1,2,*}

1 Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China

2 Gansu Key Laboratory of Cold Water Fishes Germplasm Resources and Genetics Breeding, Gansu Fisheries and Science Research Institute, Lanzhou 730030, China

3 Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China

Abstract: *Gymnoditychus pachycheilus*, one of the endemic Schizothoracin fishes, is peculiar to China and mainly distributed in plateau lakes and rivers of the Yellow River on the Northeast Qinghai-Tibetan Plateau. During the long evolutionary history, *G. pachycheilus* is characterized by slow growth rate, low fecundity, and late sexual maturation as adaptations to their rigorous environment. However, these life-history characteristics make it particularly sensitive to factors such as habitat destruction/alteration, climate change, biological invasions, pollution. Overexploitation is also likely to be having considerable effects on the species survival. To access the genetic diversity, genetic structure and population dynamics of *G. pachycheilus*, the control region DNA sequences of *G. pachycheilus* were checked and compared with the homologous sequences of 81 individuals, including 71 individuals from Maqu county, and 10 individuals retrieved from

基金项目:甘肃省重点实验室建设计划(1009RTSA006);甘肃省自然科学基金(1010RJZA134);甘肃省技术与开发专项计划(1004TCYA020);甘肃省冷水性鱼类种质资源与遗传育种重点实验室开放基金共同资助

收稿日期:2011-06-01; 修订日期:2011-09-28

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: weiyym@gsau.edu.cn

GenBank sampled from Guide county and Maduo county. And 729 bp length sequences were defined for 81 individuals. Sequence analysis results showed that there were only 26 variable sites, including 3 single variable sites and 23 parsimony informative sites. No site was found that had alignment gaps or missing data. The samples fall into 34 haplotypes, with only 0.844 haplotype diversity and 0.0054 nucleotide diversity. There was no geographic clustering observed in the haplotype network, haplotype H2 distributed most widely and on 32 samples (38.27%) from the Maqu county population. H2, H14, H23 were shared by all the three population. The median-joining network produced a complex pattern with no obvious phylogeographic structure. Although H2 was in the center, the network showed little evidence for overt phylogeographic structure and showed star-like radiation. The Fu's F_s test, the distribution of pairwise differences and the network analysis indicate that *G. pachycheilus* in the research had experienced certain population expansion events, which is consistent with the hypothesis that the headwater area of the Yellow River was dramatically affected by the geological and climatic upheaval during the Pleistocene. Analysis of molecular variance (AMOVA) showed that 93.53% of the total genetic variance was contributed by the within groups variation and only 6.47% contributed by the among-groups variation ($F_{st} = 0.0647$, $P > 0.05$). F_{st} analyses produced similar results that significant F_{st} values were detected between Mq vs. Gd population. No significant ($P > 0.05$) genetic differences were found either within or between the different populations, indicating weak genetic structure among the three populations. Mismatch distribution and neutrality tests indicated that *G. pachycheilus* in this research had experienced population expansion. Our analysis indicated by mtDNA control region as the first approach to understand the genetic diversity of *G. pachycheilus*. We suggest that all the three populations should be managed and conserved as a whole. In situ conservation is first recommended to protect its original habitat from further destruction. The conservation of the unique habitat of *G. pachycheilus* is essential for the survival of the species.

Key Words: the upper reaches of the Yellow River; *Gymnodiptychus pachycheilus*; mtDNA control region; genetic structure

黄河上游(甘肃、青海段)地处青藏高原与黄土高原过渡地带,其青海玛多、甘肃玛曲至青海尖扎区间,黄河流经巴颜喀拉山与阿尼玛卿山之间的古盆地和低山丘陵,大部分河段河谷宽阔,间或有几段峡谷,是黄河支流集中区段之一^[1],高原生物多样性和景观多样性最为集中,是影响我国生态功能的最大区域之一,也是生态系统最脆弱的地区之一,其生物多样性在我国乃至世界上都占有十分重要的地位。

鱼类是组成黄河上游生物多样性和景观多样性的基本要素,黄河上游鱼类多样性较为丰富,群落结构颇为复杂^[2],共有鱼类2科10属29种^[3],以鲴科(Cobitidae)条鲴亚科(Nemacheilinae)和鲤科(Cyprinidae)裂腹鱼亚科(Schizothoracinae)鱼类为主。鱼类作为保持黄河上游生态系统物质和能量良性循环流动的重要因子,对维护黄河上游生态平衡以及黄河流域用水安全都具有十分重要的意义。

由于黄河上游独特的地理位置和青藏高原所经历的地质变迁和古气候环境的改变等,栖息在这里的许多鱼类在长期的演化过程中对高原缺氧、强辐射、低水温等特殊环境表现出极强的适应性。厚唇裸重唇鱼(*Gymnodiptychus pachycheilus*),俗称重唇花鱼、麻鱼,隶属鲤科(Cyprinidae)的裂腹鱼亚科(Schizothoracinae),为我国特有种^[3-4],分布于黄河水系、长江水系各河流上游的高原宽谷河流中,其全身裸露无鳞,肉质多脂,味道鲜嫩,富有营养,一度为当地重要经济鱼类。随着人类活动的加剧,涉水工程建设、外来物种入侵和非法捕捞等,厚唇裸重唇鱼种群迅速减小,已被列入《中国濒危动物红皮书》^[5],目前已有研究主要集中在厚唇裸重唇鱼的生物学特性描述、种类调查及划分和类群的生物地理学过程等方面^[2-4,6-8]。有关其遗传背景及遗传多样性的研究尚未见报道。然而研究物种的遗传多样性,掌握其遗传结构和演化历史是制定物种合理保护策略的前提和依据^[9]。线粒体DNA(Mitochondrial DNA, mtDNA),具有母系遗传、较高突变率,突变固定后形成的多态位点可反映出群体遗传结构、种群分化和种属关系等特点,是群体遗传学和系统发育等研究的理想的分子标记^[10],在鱼类物种订正、亲缘地理、种群演化等研究中显示了极大的价值^[11-13]。本研究采集厚唇裸重唇

鱼群体,通过线粒体 DNA 控制区序列分析,探讨黄河上游厚唇裸重唇鱼 3 种群的遗传多样性,了解其遗传变异及历史演化,以为该种群遗传多样性和保护生物学等研究提供科学资料。

1 材料与方法

1.1 样本采集

厚唇裸重唇鱼采集于黄河上游甘肃玛曲县境内(齐哈玛吊桥西 12 km 处、齐哈玛吊桥东 3 km 处、马场、黑河入河口、哇尔河入河口、欧拉乡安茂村)共 71 尾。野外采集所有样本经鉴定后剪取鳍条 0.5 g,保存于无水乙醇中备用。

1.2 DNA 提取、扩增及测序

取乙醇保存的尾鳍 0.3 g,用常规酚-氯仿抽提总 DNA^[14]。采用引物 GEDL200 (5-CAC CCC TGG CTC CCA AAG CCA G-3)和 GEDH860 (5-AGG GGT TTG ACA AGA ATA ACA GGA-3)^[15],对 *mtDNA* 控制区序列部分片段进行扩增,扩增片段长度为 800 bp 左右。PCR 扩增的反应体系:DNA 模板 1 μL ,PCR buffer(含 Mg^{2+} 20 mmol/L) 2.5 μL ,dNTP(10 mmol/L)0.5 μL ,上下游引物(10 pmol/ μL)各 1 μL ,*Taq* DNA 聚合酶(2U/ μL) 0.5 μL ,加 ddH₂O 补足 25 μL 。扩增的反应条件:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min,94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 50 s,60 $^{\circ}\text{C}$ 退火 50 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 50 s,30 个循环,最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min,然后于 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。扩增得到的 PCR 产物用 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳检测,用 DNA 胶回收试剂盒(TaKaRa)进行纯化、回收,对扩增效果良好的样品送往上海生工生物工程有限公司进行双向测定。从 GenBank 中下载甘肃玛曲,青海玛县黄河干流、扎陵湖、鄂陵湖(玛多群体)和青海贵德县、兴海县和尖扎县黄河干流(贵德群体)的 16 尾个体的 10 条单倍型序列^[15]。

1.3 数据处理和分析

测序获得的序列通过 Chromasv 1.45 软件获得原始序列数据,进行人工校对,连同下载自 GenBank 中的青海玛多区域和青海同德县、兴海县和尖扎县 10 条序列^[15],用 Clustal X(1.83)程序对所得的 DNA 序列进行比对^[16]。用 Dnasp v5.0 软件计算多态位点、单倍型数、单倍型多样性指数(h)、核苷酸多样性指数(π)等^[17];用 Mega v4.0 软件^[18],统计 DNA 序列的碱基组成,用 Kimura2-papamter 模型计算 3 个群体间的遗传距离,采用 Kimura2-papamter 距离矩阵,以裂腹鱼亚科的裸腹重唇鱼(*Ptychobarbus kaznakovi*,登录号:FJ601175)、中甸叶须鱼(*P. chungtienensis*,登录号:FJ601176)和双须重唇鱼(*P. dipogon*,登录号:FJ601177)为外群,用邻接法(NJ)构建分子系统树,系统树中节点的自举置信水平应用自引导估计,循环验证次数为 1000;用 Arlequin v3.1^[19]中的分子变异分析(AMOVA)方法估算遗传变异在群体内和群体间的分布及遗传分化系数(F -statistics, F_{st}),计算并用排列测验法检测 F_{st} 的显著性(重复次数为 1000);碱基不配对分析^[20]和 Fu' F_s 中性统计检验^[21]来推断种群发生扩张的历史。使用 Networkv4.0 程序^[22]构建简约网络图(MJ-network),调查单倍型间的进化关系。

2 结果与分析

2.1 遗传变异分析

序列进行测定后,经比对分析,获得了 81 条长度为 729 bp 的同源序列,该序列的 T,C,A,G 的平均含量分别为:33.8%,19.9%,31.3%,15.0%。表现出明显的反 G 偏倚。GC 含量(34.9%)明显小于 AT(65.1%)含量。81 条序列中共检测到 26 个变异位点,占分析位点总数的 3.57%,其中含 23 个简约信息位点,3 个单碱基可变位点。其 4 种碱基其中转换 19,颠换 15,转颠换比为 1.27。

81 条序列中界定了 34 个单倍型,其中所发现的单倍型已提交到 GenBank。玛多种群 6 尾个体,界定了 5 个单倍型,玛曲种群 73 尾个体界定了 33 个单倍型,贵德 3 地种群 8 尾个体界定了 3 个单倍型。H2、H14、H23 为 3 群体共享单倍型;玛曲种群和玛多种群共享 H18、H27 单倍型。3 种群总的单倍型多样性($h=0.844$)和核苷酸多样性($\pi=0.0054$)。

2.2 厚唇裸重唇鱼的系统树和网络单倍型分析

以裂腹鱼亚科的裸腹重唇鱼(*P. kaznakovi*)、中甸叶须鱼(*P. chungtienensis*)和双须重唇鱼(*P. dipogon*)

为外群,用 Mega v4.0 软件采用 NJ 法构建系统发育树来分析厚唇裸重唇鱼的关系(图 1)。系统发育分析显示厚唇裸重唇鱼 3 种群的单倍型混合分布,各进化枝之间分歧度很低,Bootstrap 检验的支持度均低于 50%,没有形成明显的单倍型组(图 1)。81 尾个体并未显示明显的单倍型分布地理格局。

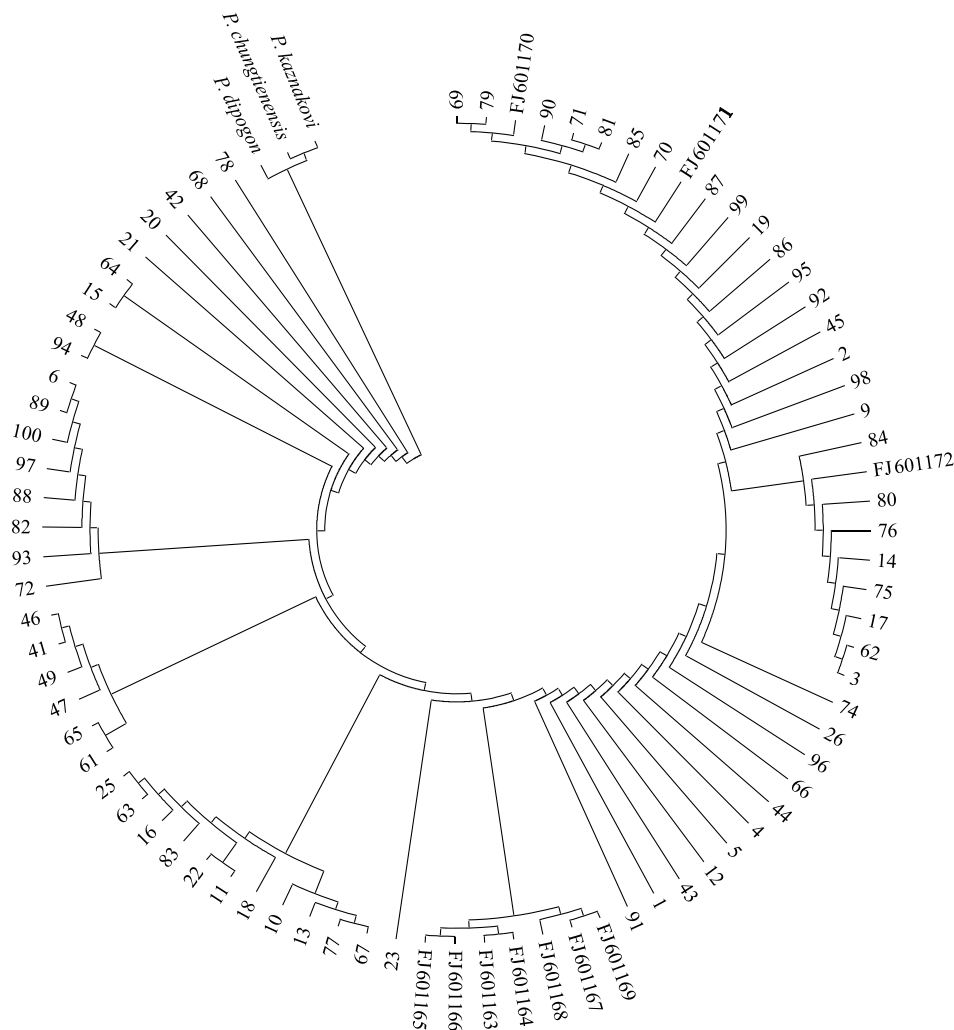


图 1 基于控制区序列构建的厚唇裸重唇鱼的 NJ 树

Fig. 1 NJ tree of *G. pachycheilus* based on control region sequences

图中 FJ601163- FJ601172 下载自 GenBank; 1, 2, 3, 4 等表示采自玛曲的标本号

单倍型网络分析结果见图 2, 从图 2 中可知 34 个单倍型相邻两个之间的突变从一步到三步不等, 具有多步突变的相邻单倍型间存在期望中间单倍型(空心圆表示)。群体中均出现 2 个主要单倍型 H2, H3 (圆面积的大小表示分布频率), 推测这个单倍型可能是较为原始, 其他单倍型由其衍生而来。其中 3 种不同背景分别表示各群体中单倍型分布的频率。单倍型网络中均为星状网络, 没有显示出明显的地理位置与单倍型间的对应关系, 以共同单倍型为中心(H2, H3 表 2), 呈辐射状分布, 这表明这些群体具有相同的祖先群体, 为同一个祖先群体(黄河上游群体)演化而来。单倍型星状网络分布也表明黄河上游厚唇裸重唇鱼群体发生过遗传瓶颈, 并在遗传瓶颈发生之后, 群体数量进行了增长。

2.3 分子变异分析

按地理区域等将厚唇裸重唇鱼种群分为 3 个种群, 玛曲种群采集于玛曲, 玛多种群和贵德 3 地种群于 2004—2005 年分别采集于青海玛县黄河干流、扎陵湖、鄂陵湖和青海贵德、兴海和尖扎 3 地。玛多种群和贵德 3 地种群之间无遗传分化(F_{st} 为负), 暗示了 2 种群之间存在广泛的基因流, 可能形成了统一地理群体, 而

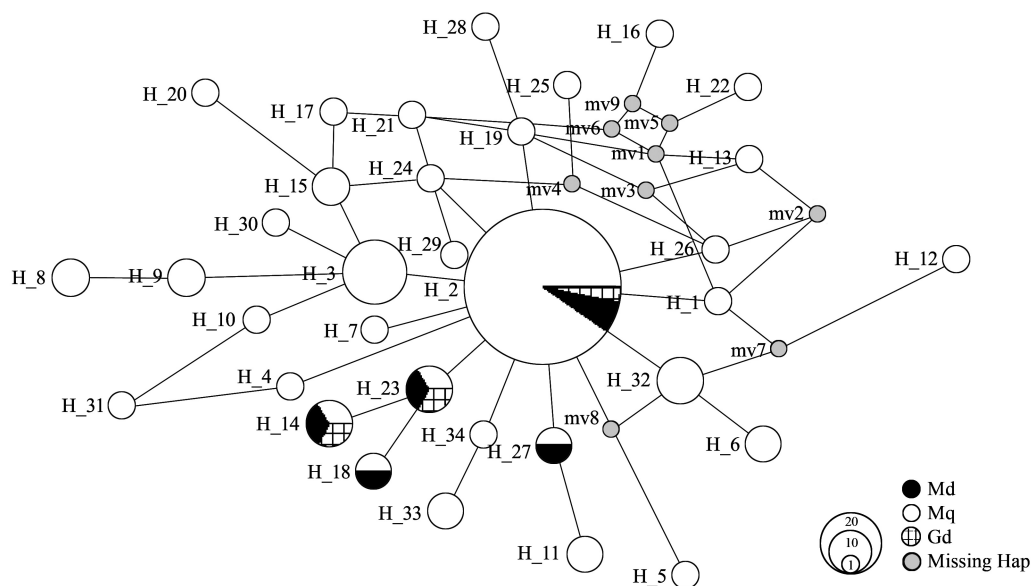


图2 单倍型的进化网络图

Fig. 2 Network relationships of haplotypes

圆圈的面积与单倍型包含的样本数成比例,空圈表示理论上存在,但在本研究中没有观测到的单倍型

玛曲种群和玛多种群及贵德3地种群之间有一定的遗传分化,但差异不显著(表1)。根据3个种群 AMOVA 分析显示种群内的分子遗传变异是变异的主要来源,种群间的变异仅为 6.47%(表2)。总的群体间分化系数: $F_{st} = 0.0647$,群体间尚未有显著的遗传分化。

表1 厚唇裸重唇鱼基于 *m* tDNA 控制区的厚唇裸重唇种群间的分化指数(F_{st})Table 1 F_{st} among 3 populations of *G. pachycheilus* based on *m* tDNA control region

Population	玛多	玛曲	贵德)
玛多			
玛曲	0.012978		
贵德	-0.16667	0.16451	

表2 厚唇裸重唇鱼3种群间遗传差异的分子方差分析(AMOVA)

Table 2 Analysis of molecular variance(AMOVA) among 3 populations of *G. pachycheilus* in the upper reaches of Yellow River

变异来源 Source of variation	自由度 df	方差平方和 Sum of squares	变异组成 Variance components	变异百分比 Percentage variation	<i>F</i> 指数 Findex	<i>P</i> 显著性 Significance
种群间 Among population	2	1.542	0.02876	6.47	0.06473	0.02151
群体内 Within population	87	36.169	0.41573	93.53		
总 Total	89	37.731	0.44450			

2.4 中性检验和种群扩张分析

利用歧点分布和 Tajima's *D* 中性检测测试厚唇裸重唇鱼是否经历种群扩张,分析其种群历史。厚唇裸重唇鱼 81 个个体控制区序列的核苷酸歧点分布分析显示歧点分布图为一明显单峰图(图3)。在中性检测中采用 Tajima *D* 检验和 Fu 的 *F_s* 检验。结果显示:Tajima's *D* = -1.81193; *F_s* = -106.131,均为负值但无显著性差异。3群体的中性检测 Tajima's *D* 值和 Fu' *F_s* 值均为负值,但无显著性差异。歧点分布和 Tajima's *D* 中性检测均表明厚唇裸重唇鱼具有复杂种群历史,推测厚唇裸重唇鱼经历了种群扩张事件。

3 讨论

3.1 厚唇裸重唇鱼的遗传多样性

掌握物种的遗传多样性、遗传结构可以帮助制定合理的保护策略,但有关厚唇裸重唇鱼遗传背景近乎空白。本研究中厚唇裸重唇鱼 81 条 729 bp 序列中,检测到 26 个变异位点,占分析位点的 3.57%,碱基序列总的单倍型多样性为 0.844,核苷酸多样性为 0.0054。由于选取的基因、序列大小不同,会得出不同的遗传多样性和核苷酸多样性多样性值^[23]。Qi 等报道了黄河裸裂尻 (*Schizopygopsis pylzovi*) 种群的单倍型多样性和核苷酸多样性分别为 0.79, 0.0027^[24]。Song 等报道了长江上游齐口裂腹鱼 (*Schizothorax prenanti*) 3 种群的单倍型多样性和核苷酸多样性分别为:0.98 和 0.019^[25]。

和上述基于线粒体控制区序列的同类研究比较,厚唇裸重唇鱼遗传多样性较低。遗传变异是该群体将来进化的保障,遗传多样性的丧失,对于生活于脆弱生境中的野生群体是一个极大的威胁。因此,目前应继续加强对厚唇裸重唇鱼种群的保护,保障种群自身的复壮和繁衍。

3.2 3 群体的种群结构

遗传结构分析是进行物种遗传资源评估或保护时的参考指标,其能够反映一个物种适应环境的能力和对环境变迁持续进化的潜力,同时反映物种生态适应进化、环境变迁与自然选择的效应^[26]。许多物种由于地理分隔以及人为影响等造成的基因流阻断,随着时间的积累产生了种内(亚种群)遗传差异。因而,地理格局往往可以反映种内亚种群之间的遗传关系^[27]。

本研究界定的 34 个单倍型中,3 种群共享 3 个单倍型,有两个广布单倍型 H2 和 H3,这说明厚唇裸重唇鱼具有相同的祖先。但单倍型中没有明显的亲缘地理格局,呈星状发散,这也表明黄河上游厚唇裸重唇鱼群体发生过遗传瓶颈,并在遗传瓶颈发生之后,群体数量进行了增长。与相关研究中青藏高原地理环境变迁对物种的影响相吻合^[6-8]。

AMOVA 分析显示种群内的分子遗传变异是变异的主要来源,总的群体间分化系数 F_{st} 为 0.0647 (表 2),变异主要来自群体内,3 群体间尚未有显著的遗传分化。对水生生物来说不同水系之间存在明显的地理障碍,通常在流域之间存在明显的种群遗传分化,同一流域内的种群通常分化不明显或没有遗传分化,这也与鱼类的遗传分化格局往往和其分布的水系格局吻合^[28]。本研究中 3 群体间的遗传分化较弱,种群间存在一定的基因流。黄河上游 3 地厚唇裸重唇鱼种群未出现分化,建议应作为一个整体进行保护。

3.3 黄河上游厚唇重唇鱼的种群演化

单倍型邻接关系树的大部分节点分支的支持率较低 (<50%),单倍型邻接关系树的拓扑结构比较简单,没有明显的地理谱系结构。每个群体的单倍型都广泛分布在单倍型邻接关系树上。各地理种群的单倍型谱系分布特征是:一个单倍型即 H2 在每个种群中都存在,而且占了最大的比例,有 2 个单倍型为 3 种群所共享。这种简单的谱系结构与群体遭受瓶颈效应后经历群体扩张的特征相一致。单倍型主干网络关系图呈星状结构,单倍型 H2 位于网络关系图的中心,不具有明显的地理结构。单倍型 H2 的出现,可能是黄河上游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厚唇裸重唇鱼的快速扩散提供了条件。

结合歧点分布和 Tajima's D 中性检测测试厚唇裸重唇鱼的种群扩张。厚唇裸重唇鱼 81 尾个体控制区序列的核苷酸歧点分布分析显示歧点分布图为一明显单峰图。且厚唇裸重唇鱼最小进化网络图呈星状,而具有星状网络图常反映种群发生过种群扩张,这都说明厚唇裸重唇鱼种群演化历史复杂,厚唇裸重唇鱼经历了种

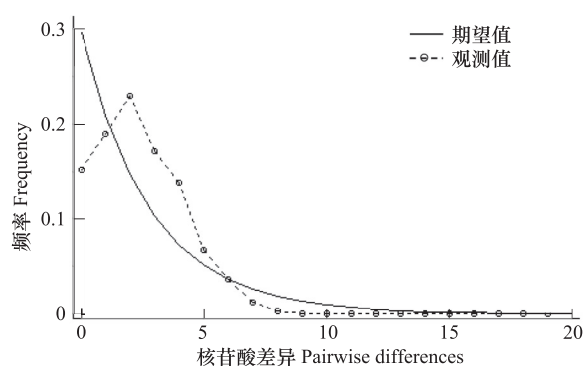


图3 以歧点分布检测厚唇裸重唇鱼种群扩张结果

Fig. 3 Mismatch-distribution to test the expansion of *G. pachycheilus*

群扩张事件。在中性检测中, Tajima's D 值和 F_s 值均为负值, 但差异不显著, 可能最近经历的种群变动并不 Tajima's D 值和 F_s 值的显著性所反映。

裂腹鱼类是青藏高原的优势类群, 其演化过程与青藏高原的隆起密切相关^[29]。青藏高原第四纪以来经历了数次地质变迁和气候的改变, 生活在高原水域中的鱼类或多或少经历过瓶颈效应有关^[24,30]。黄河上游许多鱼类在长期的演化过程中形成对高寒环境极强的适应性, 具有生长期短、生长速度缓慢、性成熟年龄晚等特性。其生存状况对人类干扰极为敏感。随着人类活动频繁, 水利工程等的兴建, 生活在上游的厚唇裸重唇鱼等土著鱼类往上游无人烟活动区集中, 加上其特殊的生物学特性, 可能会导致其迁徙、洄游路径发生改变。本研究与黄河上游其他鱼类在分子系统地理学及其种群历史动态分析方面有较为相似的结果。但从单个基因评估厚唇裸重唇鱼不同群体的遗传结构还远远不够。应进一步综合运用多种分子标记(如核基因), 结合生态学研究, 以得出更全面、客观的结论, 为该物种种群遗传多样性和保护生物学等研究提供科学资料。

References:

- [1] Wu X. Theory of Interbasin Water Transfer and Stochastic Water Allocation Model Study South-North Water Transfer Western Route As Case Study in Shanxi Province [D]. Xi'an: Xi'an University of Technology, 2006.
- [2] Ru H J, Wang H J, Zhao W H, Shen Y Q, Wang Y, Zhang X K. Fishes in the mainstream of the Yellow River: assemblage characteristics and historical changes. *Biodiversity Science*, 2010, 18(2): 169-174.
- [3] Wu Y F. Studies on phylogeny of subfamily Schizothoracinae (Pisces, Cypriniformes, Cyprinidae) in China. *Acta Biologica Plateau Sinica*, 1984, (3): 119-140.
- [4] Wu Y F, Wu C Z. The Fishes of the Qinghai-Xizang Plateau. Chengdu: Sichuan Science and Technology Press, 1991.
- [5] Yue P Q, Chen Y Y. China Red Data Book of Endangered Animals, Pisces. Beijing: Science Press, 1998.
- [6] Chen Y F, Cao W X. Schizothoracinae // Yue P Q, ed. Fauna Sinica Osteichthyes Cypriniformes III. Beijing: Science Press, 2000.
- [7] He D K, Chen Y F, Chen Y Y, Chen Z M. Molecular phylogeny of the specialized schizothoracine fishes (Teleostei: Cyprinidae), with their implications for the uplift of the Qinghai-Tibetan Plateau. *Chinese Science Bulletin*, 2004, 49(1): 39-48.
- [8] He D K, Chen Y F. Molecular phylogeny and biogeography of the highly specialized grade schizothoracine fishes (Teleostei: Cyprinidae) inferred from cytochrome b sequences. *Chinese Science Bulletin*, 2007, 52(6): 777-788.
- [9] Avise J C. Phylogeography: The History and Formation of Species. London: Harvard University Press, 2000: 9-32.
- [10] Carvalho G R. Population genetics: principles and applications for fisheries scientists. *Fish and Fisheries*, 2004, 5(1): 94-95.
- [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] Yue X J, Wang D Q, Liu S P, Yuan X P, Zhang Y G, Duan X B, Chen D Q. Population genetic structure of three schizothoracines from Nujiang River in Southwestern China. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(23): 6418-6429.
- [13] Qing N, Qiu C F, Liao W Q, Ma T F, Liang X X, Lie J N. Population genetic variations and phylogeography of *Micronemacheilus pulcher* Nichols based on mtDNA control region. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(1): 258-264.
- [14] Zang Y P, Su J H, Gong X F, Lou Z Y, Wu J P, Wei Y M. Genetic resources evaluation of Gansu golden trout and genetic differentiation of Donaldson rainbow trout and Albino rainbow trout based on microsatellite DNA markers. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2010, 34(2): 262-269.
- [15] Duan Z Y, Zhao K, Peng Z G, Li J B, Diogo R, Zhao X Q, He S P. Comparative phylogeography of the Yellow River schizothoracine fishes (Cyprinidae): variance, expansion, and recent coalescence in response to the Quaternary environmental upheaval in the Tibetan Plateau. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2009, 53(3): 1025-1031.
- [16] Thompson J D, Higgins D G, Gibson T J. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 1994, 22(22): 4673-4680.
- [17] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 2009, 25(11): 1451-1452.
- [18] 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.
- [19] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2005, 1: 47-50.
- [20] Schneider S, Excoffier L. Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: application to human mitochondrial DNA. *Genetics*, 1999, 152(3): 1079-1089.

- [21] Fu Y X. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 1997, 147(2): 915-925.
- [22] Bandelt H, Forster P, Rohl A. Median joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 1999, 16(1): 37-48.
- [23] Perdices A, Sayanda D, Coelho M M. Mitochondrial diversity of *Opsariichthys bidens* (Teleostei, Cyprinidae) in three Chinese drainages. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2005, 37(3): 920-927.
- [24] Qi D L, Guo S C, Zhao X Q, Yang J, Tang W J. Genetic diversity and historical population structure of *Schizopygopsis pylzovi* (Teleostei: Cyprinidae) in the Qinghai-Tibetan Plateau. *Freshwater Biology*, 2007, 52(6): 1090-1104.
- [25] Song Z B, Song J, Yue B S. Population genetic diversity of Prenant's schizothoracin, *Schizothorax prenanti*, inferred from the mitochondrial DNA control region. *Environmental Biology Fishes*, 2008, 81(3): 247-252.
- [26] Pester T A, Ward S M, Fenwick A L, Westra P, Nissen S J. Genetic diversity of jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica*) determined with RAPD and AFLP markers. *Weed Science*, 2003, 51(3): 287-293.
- [27] Amato M L, Brooks R J, Fu J. A phylogeographic analysis of populations of the wood turtle (*Glyptemys insculpta*) throughout its range. *Molecular Ecology*, 2008, 17(2): 570-581.
- [28] Zhao L, Zhang J, Liu Z J, Xu M Q, Li M. Population genetic structure and demographic history of *Neosalanx jordani* based on cytochrome *b* sequences. *Biodiversity Science*, 2010, 18(3): 251-261.
- [29] Cao W X, Chen Y Y, Wu Y F. Origin and evolution of Schizothoracine fishes in relation to the upheaval of the Xizang Plateau//The Team of the Comprehensive Scientific Expedition to the Qinghai-Xizang Plateau, Chinese Academy of Sciences, eds. *Studies on the Period, Amplitude and Type of the Uplift of the Qinghai-Xizang Plateau*. Beijing: Science Press, 1981: 118-130.
- [30] Zhao K, Li J B, Yang G S, Duan Z Y, He S P, Chen Y Y. Molecular phylogenetics and phylogeography of Schizothoracinae (Teleostei: Cyprinidae) in Lake Qinghai and adjacent drainages. *Chinese Science Bulletin*, 2005, 50(13): 1349-1355.

参考文献:

- [1] 吴新. 跨流域调水理论和随机配水模型研究——以南水北调西线工程为例 [D]. 西安: 西安理工大学, 2006.
- [2] 茹辉军, 王海军, 赵伟华, 沈亚强, 王勇, 张晓可. 黄河干流鱼类群落特征及其历史变化. *生物多样性*, 2010, 18(2): 169-174.
- [3] 武云飞. 中国裂腹鱼亚科鱼类的系统分类研究. *高原生物学集刊*, 1984, (3): 119-140.
- [4] 武云飞, 吴翠珍. 青藏高原鱼类. 成都: 四川科技出版社, 1991.
- [5] 乐佩琦, 陈宜瑜. 中国濒危动物红皮书, 鱼类. 北京: 科学出版社, 1998.
- [6] 陈毅峰, 曹文宣. 裂腹鱼亚科//乐佩琦. 中国动物志. 硬骨鱼纲. 鲤形目 (下卷). 北京: 科学出版社, 2000.
- [7] 何德奎, 陈毅峰, 陈宜瑜, 陈自明. 特化等级裂腹鱼类的分子系统发育与青藏高原隆起. *科学通报*, 2003, 48(22): 2354-2362.
- [8] 何德奎, 陈毅峰. 高度特化等级裂腹鱼类分子系统发育与生物地理学. *科学通报*, 2007, 52(3): 303-312.
- [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.
- [12] 岳兴建, 汪登强, 刘绍平, 袁希平, 张耀光, 段辛斌, 陈大庆. 怒江三种裂腹鱼属鱼类种群遗传结构. *生态学报*, 2010, 30(23): 6418-6429.
- [13] 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, 30(1): 258-264.
- [14] 张艳萍, 苏军虎, 龚雪芬, 娄忠玉, 吴建平, 魏彦明. 甘肃金鳉遗传资源评价及其与日本金鳉和道氏虹鳉遗传分化研究. *水生生物学报*, 2010, 34(2): 262-269.
- [28] 赵亮, 张洁, 刘志瑾, 许木启, 李明. 乔氏新银鱼基于细胞色素 *b* 序列的种群遗传结构和种群历史. *生物多样性*, 2010, 18(3): 251-261.
- [29] 曹文宣, 陈宜瑜, 武云飞. 裂腹鱼类的起源和演化及其与青藏高原隆起的关系//青藏高原隆起的时代、幅度和形式问题. 北京: 科学出版社, 1981: 118-130.
- [30] 赵凯, 李俊兵, 杨公社, 段子渊, 何舜平, 陈宜瑜. 青海湖及其相邻水系特有裸鲤属鱼类的分子系统发育. *科学通报*, 2005, 50(13): 1348-1355.

CONTENTS

Responses of sandy beach nematodes to oxygen deficiency: microcosm experiments	HUA Er, LI Jia, DONG Jie, et al (3975)
Allometric relationship between mean component biomass and density during the course of self-thinning for <i>Fagopyrum esculentum</i> populations	LI Lei, ZHOU Daowei, SHENG Lianxi (3987)
Automatic site selection of sight-seeing route in ecotourism destinations based on landscape perception sensitivity	LI Jifeng, LI Renjie (3998)
Emergy evaluation for sustainability of Biogas-linked agriculture ecosystem: a case study of Gongcheng county	YANG Jin, CHEN Bin, LIU Gengyuan (4007)
Spatial heterogeneity of vegetation coverage and its temporal dynamics in desert steppe, Inner Mongolia	YAN Liang, ZHOU Guangsheng, ZHANG Feng, et al (4017)
Soil conservation value flow processes of two typical grasslands	PEI Sha, XIE Gadi, LI Shimei, et al (4025)
Spatial distribution of carbon storage in a 13-year-old <i>Pinus massoniana</i> forest ecosystem in Changsha City, China	WU Tao, PENG Chonghua, TIAN Dalun, et al (4034)
Colonization rate and diversity of AM fungi in the rhizosphere of seven medicinal plants in Xiamen	JIANG Pan, WANG Mingyuan (4043)
Effects of Cd, Low Concentration Pb/Cd on the contents of phenolic acid and simple glucides exuding from winter wheat seedlings root and the relationship between them and rhizosphere soil microbial activity	JIA Xia, DONG Suiming, ZHOU Chunjuan (4052)
The community structure of laccase-like multicopper oxidase-producing bacteria in soil of Liangshui Nature Reserve	ZHAO Dan, GU Huiqi, CUI Daizong, et al (4062)
Effects of soil rhizosphere microbial community and soil factors on arbuscular mycorrhizal fungi in different salinized soils	LU Xinping, DU Qian, YAN Yongli, et al (4071)
The effects of inoculation with phosphate solubilizing bacteria <i>Bacillus megaterium</i> C4 in the AM fungal hyphosphere on soil organic phosphorus mineralization and plant uptake	ZHANG Lin, DING Xiaodong, WANG Fei, et al (4079)
Soil carbon, nitrogen and phosphorus ecological stoichiometry of <i>Phragmites australis</i> wetlands in different reaches in Minjiang River estuary	WANG Weiqi, WANG Chun, ZENG Congsheng, et al (4087)
Dynamics of soil microbial biomass during early fine roots decomposition of three species in alpine region	WU Zhichao, WU Fuzhong, YANG Wanqin, et al (4094)
Effects of simulated precipitation on apparent carbon flux of biologically crusted soils in the Gurbantunggut Desert in Xinjiang, Northwestern China	WU Lin, SU Yangui, ZHANG Yuanming (4103)
Changes in photosynthetic properties, ultrastructure and root vigor of <i>Dendrobium candidum</i> tissue culture seedlings during transplantation	PU Xiaozhen, YIN Chunying, ZHOU Xiaobo, et al (4114)
Analysis of dry matter accumulation and translocation for winter wheat cultivars with different yields on dryland	ZHOU Ling, WANG Zhaohui, LI Fucui, et al (4123)
Impact evaluation of low temperature to yields of maize in Northeast China based on crop growth model	ZHANG Jianping, WANG Chunyi, ZHAO Yanxia, et al (4132)
Spatiotemporal variations in the reference crop evapotranspiration on the Loess Plateau during 1961—2009	LI Zhi (4139)
Eco-physiological responses of <i>Phragmites australis</i> to different water-salt conditions in Momoge Wetland	DENG Chunnuan, ZHANG Guangxin, LI Hongyan, et al (4146)
Comparative study of different earthworm sampling methods	FAN Ruqin, ZHANG Xiaoping, LIANG Aizhen, et al (4154)
Geographic variation in longevity and fecundity of the Asian corn borer, <i>Ostrinia furnacalis</i> Guenée (Lepidoptera: Crambidae)	TU Xiaoyun, CHEN Yuansheng, XIA Qinwen, et al (4160)
Analysis on grasshopper spatial heterogeneity and pattern of natural grass in upper reaches of Heihe	ZHAO Chengzhang, LI Lili, WANG Dawei, et al (4166)
Inhibition effects of ethyl acetate extracts of <i>Momordica charantia</i> leaves on the experimental population of <i>Spodoptera litura</i>	LOU Ying, LING Bing, XIE Jiefeng, et al (4173)
Feeding habits of <i>Lateolabrax maculatus</i> in Yangtze River estuary	HONG Qiaoqiao, ZHUANG Ping, YANG Gang, et al (4181)
Genetic structure of <i>Gymnodontichus pachycheilus</i> from the upper reaches of the Yellow River as inferred from mtDNA control region	SU Junhu, ZHANG Yanping, LOU Zhongyu, et al (4191)
Toxicity mechanism of Cadmium-induced reactive oxygen species and protein oxidation in testes of the frog <i>Rana nigromaculata</i>	CAO Hui, SHI Cailei, JIA Xiuying (4199)
The diversity of scarab beetles in grassland cattle dung from North China	FAN Sanlong, FANG Hong, GAO Chuanbu, et al (4207)
Spatial relationships among <i>Empoasca vitis</i> (Gothé) and <i>Toxoptera aurantii</i> (Boyer) and natural enemies in tea gardens of autumn-winter season in Hefei suburban	YANG Lin, GUO Hua, BI Shoudong, et al (4215)
Effects of vegetation, elevation and human disturbance on the distribution of large- and medium-sized wildlife: a case study in Jiuzhaigou Nature Reserve	ZHANG Yue, LEI Kaiming, ZHANG Yuke, et al (4228)
Research of typical EIPs based on the social network analysis	YANG Lihua, TONG Lianjun (4236)
Exergy-based life cycle accounting of household biogas system: a case study of Gongcheng, Guangxi	QI Jing, CHEN Bin, DAI Jing, et al (4246)
Review and Monograph	
The effects of changes in hydrological regimes and salinity on wetland vegetation: a review	ZHANG Guangxin (4254)
Advances in research on the seed bank of a saline-alkali meadow in the Songnen Plain	MA Hongyuan, LIANG Zhengwei, LÜ Bingsheng, et al (4261)
A new landscape expansion index: definition and quantification	WU Pengfei, ZHOU Demin, GONG Huili (4270)
Scientific Note	
Response of photosynthetic characteristics of <i>Psathyrostachys huashanica</i> Keng to drought stress	LI Qian, WANG Ming, WANG Wenwen, et al (4278)
The antifouling activities of <i>Callyspongia</i> sponge extracts	CAO Wenhao, YAN Tao, LIU Yonghong, et al (4285)

《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 13 期 (2012 年 7 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 32 No. 13 (July, 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