ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

# 生态学报

# Acta Ecologica Sinica

第 32 卷 第 18 期 Vol.32 No.18 2012

中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 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 18 期　　2012 年 9 月　（半月刊）

## 目　　次

亚热带典型树种对模拟酸雨胁迫的高光谱响应…… 时启龙，江　洪，陈　健，等（5621）
珠江三角洲地面风场的特征及其城市群风道的构建…… 孙　武，王义明，王越雷，等（5630）
粤北山地常绿阔叶林自然干扰后冠层结构与林下光照动态…… 区余端，苏志尧（5637）
四种猎物对南方小花蝽生长发育和繁殖的影响 …… 张昌容，郅军锐，莫利锋（5646）
普洱季风常绿阔叶林次生演替中木本植物幼苗更新特征…… 李帅锋，刘万德，苏建荣，等（5653）
喀斯特常绿落叶阔叶混交林物种多度与丰富度空间分布的尺度效应…… 张忠华，胡　刚，祝介东，等（5663）
格氏栲天然林土壤养分空间异质性…… 苏松锦，刘金福，何中声，等（5673）
种植香根草对铜尾矿废弃地基质化学和生物学性质的影响…… 徐德聪，詹　婧，陈　政，等（5683）
灌溉对三种荒漠植物蒸腾耗水特性的影响…… 单立山，李　毅，张希明，等（5692）
真盐生植物盐角草对不同氮形态的响应…… 聂玲玲，冯娟娟，吕素莲，等（5703）
庞泉沟自然保护区寒温性针叶林演替优势种格局动态分析…… 张钦弟，毕润成，张金屯，等（5713）
不同水肥条件下 AM 真菌对丹参幼苗生长和营养成分的影响…… 贺学礼，马　丽，孟静静，等（5721）
垄沟覆膜栽培冬小麦田的土壤呼吸…… 上官宇先，师日鹏，韩　坤，等（5729）
不同方式处理牛粪对大豆生长和品质的影响 …… 郭立月，刘雪梅，战丽杰，等（5738）
基于大气沉降与径流的乌鲁木齐河源区氮素收支模拟 …… 王圣杰，张明军，王飞腾，等（5747）
基于能值理论的循环复合农业生态系统发展评价——以福建省福清星源循环农业产业示范基地为例……
…… 钟珍梅，翁伯琦，黄勤楼，等（5755）
低温暴露和恢复对棘胸蛙雌性亚成体生存力及能量物质消耗的影响…… 凌　云，邵　晨，颉志刚，等（5763）
暗期干扰对棉铃虫两个不同地理种群滞育抑制作用的比较…… 陈元生，涂小云，陈　超，等（5770）
水土流失治理措施对小流域土壤有机碳和全氮的影响…… 张彦军，郭胜利，南雅芳，等（5777）
不同管理主体对泸沽湖流域生态系统影响的比较分析…… 董仁才，苟亚青，李思远，等（5786）
连江鱼类群落多样性及其与环境因子的关系…… 李　捷，李新辉，贾晓平，等（5795）
溶氧水平对鲫鱼代谢模式的影响 …… 张　伟，曹振东，付世建（5806）
象山港人工鱼礁区的网采浮游植物群落组成及其与环境因子的关系…… 江志兵，陈全震，寿　鹿，等（5813）
填海造地导致海湾生态系统服务损失的能值评估——以套子湾为例…… 李睿倩，孟范平（5825）
城市滨水景观的视觉环境质量评价——以合肥市为例…… 姚玉敏，朱晓东，徐迎碧，等（5836）

**专论与综述**

生态基因组学研究进展 …… 施永彬，李钧敏，金则新（5846）
海洋酸化生态学研究进展 …… 汪思茹，殷克东，蔡卫君，等（5859）
纺锤水蚤摄食生态学研究进展…… 胡思敏，刘　胜，李　涛，等（5870）
河口生态系统氨氧化菌生态学研究进展…… 张秋芳，徐继荣，苏建强，等（5878）
嗜中性微好氧铁氧化菌研究进展…… 林超峰，龚　骏（5889）
典型低纬度海区（南海、孟加拉湾）初级生产力比较 …… 刘华雪，宋星宇，黄洪辉，等（5900）
植物叶片最大羧化速率及其对环境因子响应的研究进展 …… 张彦敏，周广胜（5907）
中国大陆鸟类栖息地选择研究十年…… 蒋爱伍，周　放，覃　玥，等（5918）

**研究简报**

孵化温度对赤链蛇胚胎代谢和幼体行为的影响…… 孙文佳，俞　霄，曹梦洁，等（5924）
不同培肥茶园土壤微生物量碳氮及相关参数的变化与敏感性分析 …… 王利民，邱珊莲，林新坚，等（5930）
施肥对两种苋菜吸收积累镉的影响 …… 李凝玉，李志安，庄　萍，等（5937）

**期刊基本参数**：CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 322 * zh * P * ￥70.00 * 1510 * 36 * 2012-09

**封面图说**：冬天低空飞翔的丹顶鹤——丹顶鹤是鹤类中的一种，因头顶有“红肉冠”而得名。是东亚地区特有的鸟种，因体态优雅、颜色分明，在这一地区的文化中具有吉祥、忠贞、长寿的象征，是传说中的仙鹤，国家一级保护动物。丹顶鹤具备鹤类的特征，即三长——嘴长、颈长、腿长。成鸟除颈部和飞羽后端为黑色外，全身洁白，头顶皮肤裸露，呈鲜红色。丹顶鹤每年要在繁殖地和越冬地之间进行迁徙，只有在日本北海道等地是留鸟，不进行迁徙，这可能与冬季当地人有组织地投喂食物，食物来源充足有关。

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

DOI: 10.5846/stxb201108041143
施永彬,李钧敏,金则新. 生态基因组学研究进展. 生态学报,2012,32(18):5846-5858.
Shi Y B, Li J M, Jin Z X. Advances in ecological genomics. Acta Ecologica Sinica,2012,32(18):5846-5858.

# 生态基因组学研究进展

施永彬[1],李钧敏[2,*],金则新[2]
(1. 上海师范大学生命与环境科学学院, 上海 200234; 2. 台州学院生态研究所, 临海 317000)

**摘要**:生态基因组学是一个整合生态学、分子遗传学和进化基因组学的新兴交叉学科。生态基因组学将基因组学的研究手段和方法引入生态学领域,通过将群体基因组学、转录组学、蛋白质组学等手段与方法将个体、种群及群落、生态系统不同层次的生态学相互作用整合起来,确定在生态学响应及相互作用中具有重要意义的关键的基因和遗传途径,阐明这些基因及遗传途径变异的程度及其生态和进化后果的特征,从基因水平探索有机体响应天然环境(包括生物与非生物的环境因子)的遗传学机制。生态基因组学的研究对象可以分为模式生物与非模式生物两大类。拟南芥、酿酒酵母等模式生物在生态基因组学领域发挥了重要作用。随着越来越多基因组学技术的开发与完善,越来越多的非模式生物生态基因组学的研究将为生态学的发展提供重要的理论与实践依据。生态基因组学最核心的方法包括寻找序列变异、研究基因差异表达和分析基因功能等方法。生态基因组学已广泛渗透到生态学的相关领域中,将会在生物对环境的响应、物种间的相互作用、进化生态学、全球变化生态学、入侵生态学、群落生态学等研究领域发挥更大的作用。

**关键词**:生态基因组学;模式生物;环境响应;进化;入侵;相互作用

# Advances in ecological genomics

SHI Yongbin[1], LI Junmin[2,*], JIN Zexin[2]
1 *College of Life Science and Environments*, *Shanghai Normal Univresity*, *Shanghai* 200234
2 *Institute of Ecology*, *Taizhou University*, *Linhai* 317000

**Abstract**: Natural environments impose a multitude of biotic and abiotic challenges to organisms, resulting in both short-term ecological and long-term evolutionary responses. A new interdisciplinary subject, called ecological genomics, integrates ecology, molecular genetics and evolutionary genomics to understand the genetic mechanisms underlying these responses. Ecological genomics introduces the methodology of genomics, such as population genomic, transcriptomic and proteomic techniques, into the study of ecology at individual-, population-, community- and ecosystem-levels. The aim of ecological genomics is to elucidate the genetic mechanisms underlying the responses of organisms to natural environments (including biotic and abiotic environments). This is done by determining which key genes or genetic pathways play important roles in ecological responses and interactions and by exploring the degree of genetic variation in these genes, pathways, and the ecological and evolutionary outcomes. The subjects of ecological genomics are divided into two categories: model species and non-model species. The traditional model species, such as *Arabidopsis thaliana*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Escherichia coli*, *Bacillus subtilis* and *Caenorhabditis elegans*, have well-characterized genetic backgrounds and abundant genetic resources and have played important roles in the development of the field. Non-model systems can serve as important theoretical and practical bases for ecology; attempts to understand variation and molecular mechanisms in natural systems have motivated a shift from laboratory model systems to non-model systems in diverse environments. With the development of genomics methods, an increasing number of non-model species are being studied in

**基金项目**:国家自然科学基金(30800133);中国博士后基金(20080440557);浙江省自然科学基金(Y5110227)
**收稿日期**:2011-08-04; **修订日期**:2011-11-15
* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lijm@tzc.edu.cn

ecological genomics. The core techniques used in ecological genomics include methods to detect sequence variation, to measure differential expression of genes, and to link genes to their functions. Novel genomics methods are regularly introduced and applied to the study of ecological genomics. Ecological genomics can be widely applied to ecological questions. It can help to understand the molecular mechanistic basis for responses to abiotic and biotic environments; to explore the genetic and evolutionary bases of species adaptation to abiotic and biotic factors, of phenotypic variation and of ecological speciation; to elucidate the genetic mechanisms underlying how species distribute themselves in space and through geological time, how organisms adapt to global environmental change, and how exotic species become invasive; and to clarify how natural communities are shaped and maintained. Ecological genomics will facilitate the understanding of biotic interactions, evolutionary ecology, global change ecology, invasion ecology, community ecology, and other ecological subfields. Here, we review recent advances in the study of ecological genomics.

**Key Words**: ecological genomics; model organism; environment responses; evolution; invasion; interaction

在自然环境中,面对复杂的生物与非生物因子,生物体存在短期的生态响应和长期的进化响应。生物如何生存和适应复杂的自然环境一直是生物学家们致力研究的核心与重点。随着研究方法日益更新,学科交叉日趋加强,研究范围逐渐扩大,生态学与功能基因组学相互渗透,形成了一门新兴交叉学科——生态基因组学[1]。目前,国内外关于生态基因组学的研究较少,尤其是国内,刚处于起步阶段。本文对生态基因组学的概念、研究对象、研究方法及在生态学领域的应用做一综述。

## 1　生态基因组学的概念

生态基因组学是一门应用功能基因组学原理与方法来研究生命系统与环境系统相互作用的生态机理及其分子机制的学科。生态基因组学的研究可以了解有机体响应自然环境的遗传机制,了解基因组在更高水平的组织中的相互作用规律,从而通过这些遗传机制和组织间的相互作用以明确有机体适应生态环境的进化机制[2]。生态基因组学的研究大量采用分子生物学的新方法、新技术,突破了传统的生态学以个体水平为主、以描述现象为目的的研究模式,逐渐深入到个体、细胞、亚细胞、甚至生物大分子等各研究层次,以阐述机理为目的,利用分子遗传学和基因组学的分析结果,结合生态学相关野外或实验室研究成果,使对生物进化和适应的研究从传统的研究表观生理适应现象等研究层面发展到现代的研究生理适应的内在机制及生物生存、进化、适应意义等研究层面上来[2]。生态基因组学的特点是强调生态研究中宏观与微观的紧密结合,在适应、进化等生态现象的研究中不仅注意了解外界的作用因素,而且注意分析内部的作用机制,从分子水平上阐明生物对环境的适应与进化的机制[2]。

## 2　生态基因组学的研究对象

生态基因组学的研究对象可以分为模式生物与非模式生物两大类。拟南芥等模式生物具有很多功能基因组学相关资源,可以从根本上阐明遗传学与进化的相关机制[3],在生态基因组学研究中发挥了举足轻重的作用。但是它们在人类干扰的环境中的生态学背景知识是缺少的[4-5],尤其是线虫(*Caenorhabditis elegans*)[6],从而阻碍了对于适应性的遗传学基础的进一步深入研究。越来越多的研究证实自然环境和人为环境之间的表型性状及其潜在遗传基础可能不同,特殊的生态环境会对生物反应和进程产生不可预见的后果。另外,模式生物常具有世代时间短,地理分布广,对环境条件的响应广等特征,如果仅对模式生物进行研究,将不能全面了解地方性物种、珍稀濒危物种、寄生物种、共生物种、复杂生活史的物种等对环境的适应与进化特征[3]。因此,并不能全部采用模式生物来阐明生态学与进化生物学的关键问题[3,7]。开展自然环境下非模式物种的生态基因组学研究对于了解生物对可变环境条件的响应的分子机制具有重要意义[8]。

### 2.1　模式生物

早期的生态基因组学研究较多地集中在模式种的研究上,如拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)[9]、酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*)[10]、大肠杆菌(*Escherichia coli*)[11]、枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)[12]、秀丽隐杆线

虫(*Caenorhabditis elegans*)[13]等,并取得了较好进展。

拟南芥为十字花科(Brassicaceae)鼠耳芥属(*Arabidopsis*)草本植物。拟南芥长期以来作为生态和进化遗传学的一个模式种,具有其它植物无法代替的特点,如生长周期短、基因组小(仅有5条染色体,1.3亿个碱基对)、易获得大量的突变体和基因组资源、种子多、形态特征简单、生命力强、容易培养等,在分子遗传学、基因组学等领域发挥了重要作用。拟南芥在2000年成为第一个基因组被完整测序的植物,可以通过互联网获得拟南芥的相关基因组信息(http://www.arabidopsis.org)。拟南芥可对各种非生物环境因子,包括光、养分和水分等,产生生理和发育水平的响应[14],还会对细菌、真菌、昆虫等生物因子产生抗性响应[15-16],在生态基因组学研究中发挥了重要作用。目前发现的拟南芥共有750多个生态型,这些生态型的拟南芥在形态发育、生理反应方面有着相当大的差异,合适的生态型可较好用于生态基因组学的分析。作为生态基因组学研究的模式生物,拟南芥的研究将促进生态学、分子遗传学和进化基因组学的整合[16]。

酿酒酵母为酵母科(Saccharomycetaceae)酵母属(*Saccharomyces*)的一种单细胞生物,能够在基本培养基上生长,生命周期较短;易于进行遗传学操作。1997年,酿酒酵母作为第一个真核基因组完成全基因组测序,可从互联网获得相关基因组信息(http://www.yeastgenome.org)。酿酒酵母遗传背景清晰,一直作为遗传学与分子生物学的模式生物[17]。近年来,由于酿酒酵母天然种群的遗传变异在进化及功能上具有重要意义,因此开始作为生态基因组学研究的模式生物[18]。酵母承受较大的生态压力,是一种研究生物响应环境胁迫的良好的模式生物[19],在阐明物种形成、表型多样性、环境胁迫响应等方面研究中起到了重要作用[10]。

秀丽隐杆线虫为小杆科(Rhabditidae)隐杆线虫属(*Caenorhabditis*)的一种可以独立生存的线虫。1998年,秀丽隐杆线虫作为是第一个多细胞生物完成基因组的测序,可从互联网获得相关的遗传信息(http://www.wormbase.org/)。秀丽隐杆线虫因其遗传背景清晰,生活周期短,个体小,结构简单,雌雄同体,容易繁殖,后代多,因此被大量应用于现代发育生物学、遗传学和基因组学的研究[13]。线虫(nematode)是土壤中最丰富的无脊椎动物之一,在土壤的食物链中起了重要作用,其与微生物分解者的相互作用可以影响营养循环等生态系统过程。线虫对环境因子变化十分灵敏,广泛应用于生态基因组学研究。虽然秀丽隐杆线虫的生态学背景知识较少,但作为模式生物在生态基因组学研究中被广泛应用于开发具有生态重要特性的基因功能[13]。

### 2.2 非模式生物

近年来,随着分子生物学技术的开发与完善,越来越多的非模式生物应用于生态基因组学的研究,为生态学的发展提供重要的理论与实践依据[8]。非模式种分为两种[20],一种是与模式生物的亲缘关系较近,可采用跨物种DNA杂交技术(cross-species DNA hybridization)鉴定分析相关基因组学信息的非模式生物[8]。如线虫属(*Nematoda*)与秀丽隐杆线虫(*Caenorhabditis elegans*)具有较近的亲缘关系,可利用秀丽隐杆线虫相关的芯片来分析线虫属对草原环境的适应;另一种是拥有较多的基因组学信息,同时具有较高的多样性和较大的表型可塑性的物种,如猴面花(*Mimulus luteus*)、太阳花(*Helianthus annuus*)、野生蕃茄(*Solanum lycopersico*)、水蚤(*Daphnia pulex*)正逐渐成为生态基因组学研究的新的模式种[6,21]。

如水蚤,为蚤科(Daphniidae)蚤属(*Daphnia*)的淡水甲壳类动物,通体透明,容易采集,世代时间较短,易于培养。水蚤的基因组学较小并已经完成基因组测序,约200Mb,基因数量达30907个[22]。水蚤具有清晰的生态学背景,在水生生态系统中是一种对环境变化较为灵敏的物种,容易对它们的环境变化作出反应。如水蚤在对掠食者释放的化学物质做出反应时,会长出诸如保护性的尾刺、盔甲和颈齿等。水蚤还可适应范围很广的酸度、毒素、氧气浓度、食物质量和温度。因此,水蚤是一个很好的研究水生生物对环境响应的生态基因组学的模式系统[23]。

## 3 生态基因组学的研究方法

生态基因组学将功能基因组学的研究手段和方法引入生态学领域,通过将群体基因组学、转录组学、蛋白质组学等手段与方法将个体、种群及群落、生态系统不同层次的生态学相互作用整合起来,确定在生态学响应

及相互作用中具有重要意义的关键的基因和遗传途径,阐明这些基因及遗传途径变异的程度及其生态和进化后果的特征,从基因水平探索有机体响应天然环境(包括生物与非生物的环境因子)的遗传学机制[2, 5, 24-25]。

归纳起来,生态基因组学的研究方法有三大类:一是采用遗传标记或测序的方法来研究序列变异;二是采用转录谱的方法研究基因表达;三是采用遗传作图的方法将基因与表型相关联[2-3]。当前生态基因组学最核心的方法就是基因组功能的搜索及物种相互作用的基因功能的研究[20]。随着生态基因组学的发展,越来越多的基因组学方法应用于生态学研究[26]。

### 3.1　寻找序列变异的相关方法

在生态基因组学研究中,寻找序列变异的方法主要是 DNA 测序与遗传标记方法。DNA 测序是最常规的方法,可用于物种鉴定、系统学、系统地理学的研究[2]。而在众多的遗传标记方法中,单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphisms, SNPs)是一种较好地可用于寻找序列变异的方法[2-3]。SNP 是指基因组水平单个核苷酸变异引起的 DNA 水平的多态性,包括单碱基的转换、颠换、插入与缺失等形式[27]。大部分的分子标记技术都是选择中性的,而 SNP 是一种与功能基因紧密关联的分子标记技术,可以反映天然选择对物种的基因形成的效果[2]。

下一代测序技术(next generation sequencing, NGS)技术可以使 DNA 测序数据产出能力呈指数增长,并且使测序成本极大地下降,从而加快了未知遗传背景的生物的 DNA 测序及基因组学研究。NGS 可以应用于转录组学分析、候选基因的寻找、靶序列的测序、大范围的分子标记的开发、核苷酸的变异图谱构建等,从而加快了非模式生物生态基因组学的研究[28-29]。

### 3.2　研究基因表达差异的方法

生态基因组学研究最核心的方法是检测生物响应环境变化、与其它物种相互作用、不同发育阶段和不同发育时间的基因表达的差异的方法。若已知基因序列,则可以采用基因组或是 cDNA 测序的方法来获得相关信息;或是采用微阵列的方法来评估基因表达的差异。若是不知基因序列,则可采用基于 PCR 的 cDNA-扩增片段长度多态性(amplified fragment length polymorphism, AFLP)的方法对基因表达进行定量分析。

#### 3.2.1　微阵列方法

微阵列技术是一种将大量的寡核苷酸(探针)固定在支持物上,并与混合的标记的样品分子进行杂交,通过检测每个探针分子的杂交信号强度而获取样品分子的数量与序列信息[30]。一个典型的微阵列实验包括 mRNA 提取、逆转录成 cDNA、荧光标记、与芯片杂交、获取信息等过程[31]。微阵列方法是目前生态基因组学研究中用来确定重要基因的主要方法[30]。常用的微阵列方法有 cDNA 微阵列(cDNA microarray)和寡核苷酸微阵列(Oligonucleotide microarray)。目前,已有一些相关报道,如采用微阵列技术分析生物与冷适应[32]、耐盐性[33]、昆虫抗性[34]、抗病性[35]等相关性状的基因转录谱。近年来,近缘物种微阵列技术的发展,使用异质的微阵列平台来比较分析一系列物种的基因表达调控,给生态基因组学的研究提供了良好的机会[36-38]。

#### 3.2.2　cDNA-AFLP

cDNA-AFLP 是一种基于 PCR 的方法,其基本原理是以纯化的 mRNA 为模板,反转录合成 cDNA;用识别序列分别为 6-bp 和 4-bp 的两种限制性内切酶酶切双链 cDNA,酶切片段与人工接头连接后,利用与接头序列互补的引物进行预扩增和选择性扩增,扩增产物通过聚丙烯酰胺凝胶电泳显示[2]。采用 cDNA-AFLP 的方法定量分析条带的强度,再将目标条带切割下来,结合 DNA 测序方法来确定基因表达情况[39]。

#### 3.2.3　抑制消减杂交 PCR(suppression subtractive hybridization PCR, SSH PCR)

SSH PCR 是将消减杂交方法与抑制 PCR 相结合,可用于筛选特异条件下不同表达基因的扩增片段[40-41]。SSH PCR 有许多优点:(1)真阳性率高;SSH PCR 方法通过两次特异性杂交和两次 PCR 特异性扩增使得假阳性率大大降低,真阳性率高达 94%;(2)灵敏度高;SSH PCR 方法通过均等化作用,使目标序列富集 1000—5000 倍,保证了低丰度 mRNA 也可被检测;(3 基因克隆的效率高;SSH PCR 方法采用四碱基内切酶使得基因(组)的复杂程度降低,大大提高了信息量,可同时分离出上百个差别表达的基因;(4)操作简便易行。

但 SSH PCR 方法对起始材料相对要求较多(需数微克),不适于来源困难的样品。

**3.2.4** 定量逆转录-PCR(quantitative Real-Time Reverse Transcription PCR, qRT-PCR)

qRT-PCR 是一种基于 PCR 技术及荧光检测系统使 PCR 扩增产物可定量分析的一种技术[42]。qRT-PCR 方法快速、简便,所需原材料用量少,灵敏度高,与微阵列的结果具有高度的相关性,可以较好地反映基因的表达强度,广泛地应用于微阵列结果的验证[43]。虽然单位时间内分析的基因数量有限[1],但 qRT-PCR 适用于珍稀或独特的组织材料的分析[43]。

**3.2.5** 基因表达序列分析(serial analysis of gene expression,SAGE)技术

SAGE 是一项不依赖于基因组学数据的技术。典型的 SAGE 技术包括 mRNA 提取,逆转录成 cDNA,从每个 cDNA 中剪掉一个 15bp 的标签序列,通过对短的标签序列的测序及该物种的表达序列标签(expressed sequence taqs,ESTs)数据库的筛选,可以获得基因表达谱[44]。但若不存在物种相关的 EST 数据库的话,则很难用常规的方法,要采用 SuperSAGE 方法。SuperSAGE 方法直接使用固化了超过过 25 个碱基的标位的阵列的基因表达分析。这种标签足够大,所以可以采用 PCR 的方法来扩增所得到的 cDNA,然后再进行测序,以获得相关的基因表达谱[44]。SuperSAGE 方法的应用促进了非模式生物的基因表达芯片的直接开发,促进了生态基因组学的发展[44]。

**3.3** 将基因与表型关联的相关方法

**3.3.1** 数量性状位点(quantitative trait loci, QTLs)定位方法

分子标记技术的发展使 QTL 位点与产量、质量、疾病或病原的抗性等性状相偶联[26, 45]。多种分子标记技术,如扩增片段长度多态性(amplified fragment length of polymorphisms, AFLP)、SNPs、微卫星等均可用于 QTL 定位[46-48]。QTL 定位方法可以提供生理性状表达的数量与位点,同时也可以检测生理特性之间的相互关系[49]。QTLs 定位能为一般位置的、与生态和进化有关的基因研究提供一个有效的方法。如 Hervè 等[50]定位了太阳花中与光合速率相关的 QTL;Weinig 等[51]定位了拟南芥中与草食昆虫抗性及耐受性相关的 QTL。但对于一些拥有大型的染色体区域的基因或者是基因数量较多的位点,则需进一步采用精细的 QTL 作图。QTL 作图不仅可用于鉴定位点间的表观相互作及生物体用[52],而且可用于检测 QTL 与环境之间的相互作用[26]。

**3.3.2** 蛋白质组学方法

蛋白质组学方法整合了蛋白质生物化学、基因组学及生物信息学知识来确定细胞、组织中蛋白质的时空表达。蛋白质组学分析可以直接检测基因表达情况,通过与生物表型相关联,可直接用于确定具有特殊生态相互作用的蛋白质[53]。蛋白质组学技术主要采用双向凝胶电泳从环境样本中分离蛋白质,然后通过质谱及生物信息学分析来确定蛋白质的种类及性质。蛋白质组学的方法逐步开始应用于功能生态学及进化生物学的研究,如,Walters 等[54]结合 EST 和蛋白质组学的方法分析了精液蛋白(seminal fluid proteins, SFP)在瓦氏袖蝶(*Heliconius erato*)和诗神袖蝶(*Heliconius melpomene*)中的快速进化。虽然目前,蛋白质组学的研究还集中在拟南芥、果蝇、线虫等模式生物上,但在不久的将来,蛋白质组学将在非模式生物的生态基因组学中发挥其重要作用[53]。

**3.3.3** 基因敲除与基因过量表达的方法

利用基因敲除方法进行功能丧失分析或是通过转基因技术诱导基因过量表达进行功能获得分析均可以将目的基因与表型性状联系起来。Zhen 等[55]利用转基因技术和基因敲除技术使冷驯化相关的 CBF(C-repeat binding transcription factor)基因在拟南芥中过表达及不表达,发现在未受到冷冻胁迫的冷驯化并不会使拟南芥付出代价,也不会改变天然选择。Wei 等[56]利用茉莉酸过表达的转基因蕃茄研究发现蕃茄中茉莉酸的过表达可以导致南美斑潜蝇(*Liriomyza huidobrensis*)对其寄生物离潜蝇茧蜂(*Opius dissitus*)具有更大的直接和间接的防卫能力,但寄生的成功率却下降,表明南美斑潜蝇在防卫与适应度之间存在一定的权衡。

**3.3.4** RNA 干扰(RNA interference, RNAi)方法

RNAi 是指细胞内的双链 RNA 分子驱动具有同源结构域序列的基因发生转录后的基因沉默[57]。外源的

RNAi 导入生物有机体后可引起体内形成双链 RNA,从而发生基因功能的丢失。这种将基因沉默与表型特征相关联的方法可以将特异的基因与功能联系起来。目前尚未见 RNAi 在生态基因组学的研究报道,但是在植物与线虫中还发现 RNAi 具有传递性,即存在系统性 RNAi,因此 RNAi 将会在植物与线虫、线虫群落之间的相互作用研究中发挥重要作用[57],而其在生态基因组学研究中的应用也将会进一步拓展。

## 4　生态基因组学在生态学研究领域的应用

生态基因组学可以解决生态与进化生物学中的一些基础性问题:如种群变异维持的进化驱动力是什么?适应的遗传基础是什么?因此,生态基因组学广泛渗透到生态学的相关领域中,并发挥了重要作用。

### 4.1　阐明生物响应环境变化的分子机制

环境的选择压力可以精细调控基因的表达以使生物具有更强的适合度。生态基因组学的最重要的一个应用就是找到生物响应环境变化的遗传学机制[1]。

#### 4.1.1　生物对非生物环境胁迫的响应机制

非生物的环境胁迫是生态系统中常见的天然选择因子,对生物的生态幅大小具有重要的影响[58]。环境中最突出的非生物胁迫因子是极端温度(高温、低温)、干旱、高盐及重金属毒性[58]。有关生物对非生物因子胁迫的响应的生态基因组学研究大多集中在拟南芥等模式生物上。如 Sharma 等[59]利用拟南芥的 70-寡核苷酸的转录组阵列鉴定十字花科植物 *Thlaspi arvense* 在低温胁迫下的基因表达变化;Seki 等[60]利用拟南芥的基因芯片分析植物在干旱或高盐胁迫条件下的基因表达谱,发现干旱胁迫可使 277 个基因上调 5 倍,而 194 基因在高盐胁迫条件下被诱导表达,并且干旱与高盐胁迫条件下大部分基因是重叠的;Stürzenbaum 等[61]应用基因组学技术分析了钙离子胁迫对蚯蚓(*Lumbricus rubellus*)的毒害作用,共获得了 11000ESTs(expressed sequence tags);Roelofs 等[62]应用 SSH 技术筛选得到了昆虫 *Orchesella cincta* 的 19 条镉响应基因,并采用 qRT-PCR 技术分析了 *Orchesella cincta* 对不同镉处理的不同响应。

在自然环境中很多非生物的环境胁迫因子常同时存在,如在半干旱或沙漠环境中,干旱、高盐和热这些胁迫因子常组合在一起作用于生物[58]。因此,研究生物对多种环境因子共同胁迫下的生态基因组学具有非常重要的意义。Rizhsky 等[63]采用基因组学技术分析了拟南芥对干旱胁迫与热胁迫的响应,发现植物部分组合多基因的防卫通路,增加了 454 个基因表达,但只有 29 个基因存在重叠,这些基因表达的变化与呼吸作用增强、光合作用抑制、可溶性糖类物质的积累等具有一定的相关性。生态基因组学的研究还发现干旱与热的组合胁迫与干旱单独胁迫对植物来说是不同的胁迫[58]。

### 4.2　阐明生物间的相互作用的分子机制

物种间的相互作是一个非常重要的生态学过程,决定了生态系统的结构与功能。生态基因组学通过整合遗传学、物理学、生态学与进化生物学来寻找更彻底地了解物种间相互作用的一门学科[20]。

#### 4.2.1　捕食者与被捕食者相互作用的分子机制

捕食是影响群落结构的主要选择压力,可以引起被捕食者的防御性进化。当持久的防御在恒定的捕食压力下发生进化的时候,可以诱导发生防御能力的进化。同一基因型的生物在不同环境条件下可以激活不同的基因表达,从而诱导不同的防御。可诱导防御可在细菌与脊椎动物中存在,而水生生物更具有独特的可诱导防御能力,如阻止捕获的突出的形态变化,相比于捕食者猎物的大小从而改变自身尺寸的适应性变化等[64]。Schwarzenberger 等[65]采用候选基因的方法分析了水蚤响应捕食者鱼的利它素时的基因表达的差异,发现与蛋白质合成有关的 18S 和 28S rRNA 基因分别被上调 2.2 与 1.8 倍,与蛋白质代谢相关的泛素结合酶的表达被上调 2.1 倍,而与蛋白质折叠相关的 Cyclophylin 的表达被上调 2.9 倍。Miyakawa 等[66]利用全基因组扫描技术和差异显示技术等分析了诱导与未诱导的水蚤的转录水平的差异,发现了 22 个不同的候选基因。水蚤可诱导防御的生态基因组学的研究有助于进一步了解决水生生物的表型可塑性与可诱导防御产生的遗传学基础[64]。

#### 4.2.2　植物与昆虫相互作用的分子机制

对植物与昆虫相互作用进行生态基因组学研究有助于了解生物相互作用的表型可塑性的机制,可将特殊

的基因表达与群落中物种之间的相互作用动力学相联系。有关植物与昆虫相互作用的生态基因组学研究在十字花科植物(如拟南芥和甘蓝)[67]、烟草[68]、龙葵[69]中取得了一定的进展。在响应昆虫草食动物的攻击过程中,植物经历了广泛的基因的重排及转录,数百甚至数千的基因被上调或者下调[70]。同一植物响应不同昆虫攻击的基因表达是不同的[71],而不同基因型响应同一昆虫攻击的基因表达也是不同的[70]。同时,在自然界中植物很少只被单一的一种草食物种攻击,它们往往受到来自不同草食动物和病原体同时或不同时的挑战[72]。

植物的次级代谢产物在抵抗昆虫取食的过程中发挥着主要作用,生态基因组学的研究将有助于进一步了解植物在昆虫取食刺激下的代谢状态变化的分子机制,将植物基因转录水平上的变化与植物代谢产物和抗性能力联系起来将会给生态相互作用和生态基因组学的研究提供新的方向[73]。Kliebenstein 等[74]人通过对拟南芥数量性状的研究发现了一个主要的位点——编码甲硫烷基化苹果酸合成酶(methylthioalkylmalate, MAM)的串联基因家族,这种酶决定植物中的硫代葡萄糖苷的脂肪侧链长度,而高的硫苷化水平对广谱性虫害有抗性,但是对专性害虫却没有抗性。

#### 4.2.3 植物与寄生或共生生物相互作用的分子机制

植物与寄生物或共生物之间的相互作用,可以引起彼此的协同进化。Liu 等[75]过在高磷和低磷的条件下在木薯的根上接种菌根真菌 *Glomus versiforme*,发现与防御和应激反应有关的信号通路相关基因会随着共生关系的发展先下调后上调,由此可知,植物的最初反应是抵御方式的,但是随着与真菌的分子交流植物开始降低它的防御性进而逐渐允许真菌在根内增殖。Dita 等[76]通过微阵列方法研究了木薯(*Medicago truncatula*)根部应对列当(*Orobanche crenata*)寄生的基因表达谱,揭示了木薯在应对列当的感染时会出现数百个基因表达的上调,这些上调的基因与木薯抵抗列当感染时抗性的产生有关。

### 4.3 阐明生物地理分布形成的分子机制

生物在时间与空间上的分布特点及形成、演变规律的研究即为生物地理学的主要研究内容。早期的生物地理学研究以生物类群为主要研究对象;随着分子生物学技术的渗透,生物地理学研究逐渐关注物种遗传变异的地理分布,旨在揭示物种沿环境梯度及迁移路线的适应性进化[77];而随着生态基因组学的渗透,越来越多的生物地理学研究开始关注生物特殊基因的时空分布,关注不同地理范围的基因表达的差异,意图揭示物种特性的地理适应的分子机制及本质[78]。Cheviron 等[79]利用转录组学的方法分析了不同海拔的红领带鹀(*Zonotrichia capensis*)的基因表达差异,从而阐述了不同海拔的红领带鹀由于长期适应而出现的生理可塑性的本质。Arbeli 和 Fuentes[80]利用 rep-PCR 基因组指纹图谱的方法分析了 13 种农田土壤中 83 种阿特拉津(Atrazine)降解细菌的与阿特拉津降解相关基因 trzN 的分布,结合降解基因的进化生态学揭示了阿特拉津降解细菌的地理分布规律。

### 4.4 阐明物种进化的遗传学机制

利用生态基因组学可以分析与物种形态、行为进化相关的关键基因,可以阐明物种进化的遗传学机制。

#### 4.4.1 生物适应性进化的遗传学机制

进化生物学的一个主要研究目标就是鉴定物种适应特性的基因组学基础[81]。

气候变化,包括温度、降雨、干旱等,都是生物适应性特性进化的一个主要趋动力[82]。采用生态基因组学的方法来研究不同环境梯度下物种单个或多个基因型的变异可以给环境因子对物种的天然选择提供一个证据[83]。Eckert 等[83]利用 SNP 技术分析了覆盖整个物种分布范围 54 个种群 683 个火炬松(*Pinus taeda* L.)的 1730 个位点,找出了与 5 个气候多元变化相关的等位基因。

工业污染给生物生存环境带来了前所未有的压力,如约有一百万种的不同多氯联苯化合物(polychlorinated biphenyls, PCBs)投放环境中[84]。这些环境污染物引起了生物的快速突变与进化,产生耐受性种群。采用生态基因组学技术分析生物响应污染物的基因组序列与基因表达谱的差异,可以阐明生物突变与快速进化的分子机制。Whitehead 等[85]比较了耐受 PCB 的鱼的胚胎的表达谱,发现其基因比敏感种群的

鱼的胚胎的基因对 PCB 的响应降低了 37 倍。

生物之间的相互作用,包括植物与疾病、植物与草食动物的相互作用,均可驱动植物的进化[86]。生态基因组学的一个重要的目标就是要鉴定介导天然生态相互作用的相关基因[2]。如植物的抗病基因的进化是有植物及其致病菌的协同进化推动的[87]。Grant 等[88]定位了拟南芥抗细菌性病原体 *Pseudomonas syringae* pv *maculicola* (RPM1)的相关基因。

#### 4.4.2　表型进化的遗传学机制

采用生态基因组学的方法可以研究天然选择或是人工选择对表型变异的影响[89]。北美的 *Coregonus clupeaformis* 提供了一个很好的研究生态如何驱动表型进化的例子[90]。Rogers 和 Bernatchez[90]利用 QTL 定位及谱系作图的方法分析了该鱼的野生型与矮小生态型之间的形态与行为特性,发现这种基因组范围的适应性改变是非中性分布的。Derome 等[37]采用微阵列方法,找到了决定这些变化的能量代谢的关键基因:ATP 合成酶 C 在矮小生态型的肌肉中高表达,与其游动能力的增强有关。

#### 4.4.3　生态性物种形成的遗传学机制

生态性物种形成是指种群适应异质性环境而形成的繁殖隔离的进化[91-92]。但生态变异如何导致生态性物种形成? 适应如何产生繁殖隔离? 到底是天然选择起作用,还是一个中性的过程? 这些均是未知。采用生态基因组学的方法可将基因组信息与生态性物种形成的表型整合起来,从而可以阐明其可能机制。Funk 等[92]采用比较研究发现繁殖隔离与生态变异之间存在强烈的正相关,表明生态适应可以促进繁殖隔离。采用生态基因组学的方法可以进一步阐明不同的繁殖隔离的适应的相对重要性及在物种形成的时间过程中的作用、不同的遗传通路对繁殖隔离的建立的适应作用、生态变异如何引起遗传不亲和等问题[38]。

### 4.5　生物对全球环境变化的响应机制

联合国千年生态系统评估(Millennium Ecosystem Assessment, MEA)[93]指出“世界及其生态系统正在经受快速变化”。人类活动驱动的全球环境变化(global environment change, GEC),包括大气 $CO_2$ 浓度增高、气候变化、氮沉降等对生态系统产生了显著的影响[94]。全球变化已成为全球科研工作者、政府机关及国际社会非常关注的领域。全球变化生态学关注全球环境变化下生物的响应与变化,已成为目前生态学领域研究的一个热点。生态基因组学可用于探索全球变化下生物的响应机制,但这部分研究刚处于起步阶段。Thayer 等[95]利用微阵列的方法发现双子叶植物裂叶老鹳草(*Geranium dissectum*)在氮浓度增加的情况下发生光合作用相关的基因表达上调。Scheible 等[96]发现氮添加可以增加烟草谷氨酸合成酶 1 和 2 基因的表达的增加。但在氮饥饿的拟南芥中,硝酸盐的添加并不可引起谷氨酸合成酶相关基因的表达[97]。

### 4.6　阐明生物入侵的机理及遗传学后果

生物入侵给全球经济、农业和生物多样性带来了很大的影响[98],是全球变化的一个重要组成因子,是目前生态学领域的研究热点之一。目前该领域的研究集中于生物入侵的生态学研究[99-101],有关生物入侵的遗传学研究主要局限于对入侵种群与原产地种群的遗传多样性或染色体倍性的比较[102-103]、入侵物种与同属或同科的本地物种的基因组大小(核 DNA C 值)的比较[104-105]等,而有关生态基因组学在入侵生态学研究中的应用尚刚起步。如,Prentis 等[106]构建了入侵植物 *Senencio madagascariensis* 原产地种群与入侵种群的表达序列标签(EST),可用于植物入侵相关的候选基因的筛选。解释生物入侵成功的机理已有一些假说,如天敌释放假说(enemy release hypothesis, ERH)、进化增强竞争力假说(the evolution of increased competitive ability, EICA),也有一些实验生态学及比较生态学方面的实验支撑这些假说,但是目前尚无相关研究阐述这些机制的分子机理[106]。生态基因组学在入侵生态学中的应用可以在探索生物入侵的快速进化[107]、对环境的适应性进化[102]及入侵性形成的分子遗传学机制[108]等方面具有重要的作用及意义。随着分子生物学技术的发展,新的测序技术的应用,入侵生态基因组学的研究将在入侵机制的阐明中发挥重要作用,极大地丰富入侵生态学的研究。

### 4.7 阐明群落形成与维持的遗传学机制

理解生物个体的特性如何影响生物与其它物种的相互作用及生态系统群落动力学是生态学家面临的重要挑战[89]。生态基因组学在群落生态学中的应用可以使生态学家获得具有明确的表型可塑性及相关机理的基因型,从而可以将分子机理与功能整合在一起,研究个体与群落中其它物种相互作用时的基因型表达与表型行为的相关性[89]。但由于缺少具有明确生物学特性的基因型,因此有关生态基因组学在群落中的研究刚处于起步阶段。月见草(*Oenothera biennis*)和北美一枝黄花(*Solidago altissima*)种内基因型多样性的增加可以显著增加节肢动物的丰富度和多样性,并且拥有更大的净生产力,表明基因型多样性可以级联改变群落与生态系统水平的结构与功能[109-110]。Gobler 等[111]采用宏蛋白质组学的方法对藻华物种 *Aureococcus anophagefferens* 的基因组,及与其它 6 个竞争性浮游微藻物种的基因进行了比较,发现 *A. anophagefferens* 具有更大的基因组,并且含有更多的与光捕获、有机碳利用、有机氮利用、编码耐硒等重金属的酶等相关基因,从而表明人类活动导致的有机质的增加,重金属的增加,将会给海岸生态系统中的 *A. anophagefferens* 提供一个特殊的生态位,有利于该有害藻类的入侵。

## 5 生态基因组学的发展前景

生态基因组学的发展将会促进基因组学研究方法的快速发展。早期的生态基因组学研究集中于模式物种的研究,随着生态基因组学的发展,越来越多的天然环境中非模式物种被应用于相关研究中。非模式物种不具备详细的基因组学相关信息,这就要求大量的新技术的出现以降低研究成本,并使非模式生物的研究成为可能。非模式生物生态基因组学的研究促进大规模的平行测序、下一代测序方法、SuperSAGE 方法、RNAi 基因沉默的方法来研究功能基因组学等新技术的进一步发展与完善[8, 38]。

生态基因组学广泛应用于生态学研究的各个领域,发挥了其它技术及学科所不可替换的重要作用,并还将在物种间的相互作用、进化生态学、全球变化生态学、入侵生态学、群落生态学等研究领域发挥更大的作用。而采用生态基因组学方法阐明生态及进化的分子机制,如阐明时间及空间上的环境变异引起的天然选择及其生态学后果及机制[18]等成为研究的热点,其取得的成果也将极大地丰富生态学和进化生物学的学科理论发展。基因组学的方法将不会取代传统的生态学的方法,但是会进一步增强生态学实验中获得的信息的类型。生态基因组学提供了一个新的工具研究这些特性的分子基础,可以提供新的、独特的视野以了解生态学现象。生态基因组学的发展要求多学科的综合,如综合分子生物学、生态学的生理学的学科知识探索生物有机体在环境选择压力的驯化过程中如何通过可塑性的变化来适应环境的变异[6]。在后基因组时代的进化基因组学和生态基因组学的研究不仅有助于在理论上破解生命奥秘,阐明基因组结构和功能产生的过程,理解代谢途径、遗传和发育过程中的机制,而且对诸如形态等表现型变异分子基础的研究将直接导致技术上的突破,对人类经济生活带来前所未有的影响。

**References:**

[1] Ungerer M C, Johnson L C, Herman M A. Ecological genomics: understanding gene and genome function in the natural environment. Heredity, 2008, 100: 178-183.

[2] Ouborg N J, Vriezen W H. An ecologist's guide to ecogenomics. Journal of Ecology, 2007, 95: 8-16.

[3] Lee C E, Mitchell-olds T. Preface to the special issue: ecological and evolutionary genomics of populations in nature. Molecular Ecology, 2006, 15(5): 1193-1196.

[4] Schranz M E, Vogel H, Michael S B. Paleopolyploidy in the *Brassicales*: analyses of the cleome transcriptome elucidate the history of genome duplications in *Arabidopsis* and Other *Brassicales*. Genome Biology and Evolution, 2009, 1: 391-399.

[5] Song B H, Mitchell-olds T. Evolutionary and ecological genomics of non-model plants. Journal of Systematics and Evolution, 2011, 49(10): 17-24.

[6] McKay J K, Stinchcombe J R. Ecological genomics of model Eukaryotes. Evolution, 2008, 10: 2953-2957.

[7] Gracey A Y, Cossins A R. Application of microarray technology in environmental and comparative physiology. Annual Review of Physiology, 2003, 65:231-59.

[8] Travers S E, Smith M D, Bai J F, Hulbert S H, Leach J E, Schnable P S, Knapp A K, Milliken G A, Fay P A, Saleh A, Garrett K A.

Ecological genomics: making the leap form model systems in the lab to native populations in the field. Frontiers in Ecology and the Environment, 2007, 5(1): 19-24.

[9] Mitchell-Olds T, Schmitt J. Genetic mechanisms and evolutionary significance of natural variation in *Arabidopsis*. Nature, 2006, 441: 947-952.

[10] Landry C R, Oh J, Hartl D L, Cavalieri D. Ecological and evolutionary genomics of *Saccharomycescerevisiae*. Molecular Ecology, 2006, 15: 575-591.

[11] Turner S J, Lewis G D, Bellamy A R. A genomic polymorphism located downstream of the gcvP gene of *Escherichia coli* that correlates with ecological niche. Molecular Ecology, 1997, 6, 1019-1032.

[12] Earl A M, Losick R, Kolter R. Ecology and genomics of *Bacillus subtilis*. Trends in Microbiology, 2008, 16(6): 269-275.

[13] Herman M A, Coolon J D, Jones K L, Todd T C. Ecological genomics of nematode community interactions: model and non-model approaches// Pontarotti P, eds. Evolutionary Biology from Concept to Application Ⅱ. Springer: Heidelberg. Germany, 2009: 303-321.

[14] Koomneef M, Alonso-Blanco C, Vreugdenhil D. Naturally occuring geneitc variation in *Aragidopsis thaliana*. Annual Review of Plant Biology, 2004, 55: 141-172.

[15] Shimizu K K, Cork J M, Caicedo A L, Mays C A, Moore R C, Olsen K M, Ruzsa S, Coop G, Bustamante C D, Awadalla P. Darwinian selection on a selfing locus. Science, 2004, 306: 2081-2084.

[16] Shimizu K K, Purugganan M D. Evolutionary and ecological genomics of *Arabidopsis*. Plant Physiology, 2005, 138: 578-584.

[17] Goffeau A, Barrell B G, Bussey H, Davis R W, Dujon B, Feldmann H. Life with 6000 Genes. Science, 1996, 274: 546-567.

[18] Zeyl C. Capturing the adaptive mutation in yeast. Research in Microbiology, 2004, 155: 217-223.

[19] Casalone E, Barberio C, Cappellini L, Polsinelli M. Characterization of *Saccharomyces cerevisiae* natural populations for pseudohyphal growth and colony morphology. Research in Microbiology, 2005, 156: 191-200.

[20] Penn S C, Siemens D H. Ecological genomics —— changing perspectives on Darwin's basic concerns. Molecular Ecology, 2010, 19: 3025-3030.

[21] Moyle L C. Ecological and evolutionary genomics in the wild tomatoes (*Solanum sect. lycopersicon*). Evolution, 2008, 62: 2995-3013.

[22] Colbourne J K, Pfrender M E, Gilbert D, Thomas W K, Tucker A, Oakley T H, Tokishita S. The ecoresponsive genome of *Daphnia pulex*. Science, 2011, 331: 555-561.

[23] Eads B D, Andrew J, Colbourne J K. Ecological genomics in *Daphnia*: stress responses and environmental sex determination. Heredity, 2008, 100: 184-190.

[24] Kloet R, de Cock Buning T, Bunders J. An introduction to and a reflection on the "ecogenomics promise". Journal of Intergrative Environmental Sciences, 2011, 8: 23-38.

[25] Dupont S, Wilson K, Obst M, Sköld H, Nakano H, Thorndyke M C. Marine ecological genomics: when genomics meets marine ecology, 2007, 332: 257-273.

[26] Anderson J T, Mithcell-Olds T. Ecological genetics and genomics of plant defences: evidence and approaches. Functional Ecology, 2011, 25: 312-324.

[27] Renaut S, Nolte A W, Rogers S M, Derome N, Bernatchez L. SNP signatures of selection on standing genetic variation and their association with adaptive phenotypes along gradients of ecological speciation in lake whitefish. Molecular Ecology, 2011, 20: 545-559.

[28] Karr T L. Application of proteomics to ecology and population biology. Heredity, 2008, 100: 200-206.

[29] Futschik A, Schlötterer C. The next generation of molecular markers form massively parallel sequencing of pooled DNA samples. Genetics, 2010, 186: 207-218.

[30] Shiu S H, Borevitz J O. The next generation of microarray research: application in evolutionary and ecological genomics. Heredity, 2008, 100: 141-149.

[31] Thomas M A, Klaper R. Genomics for the ecological toolbox. Trends in Ecology and Evolution, 2004, 19(8): 439-445.

[32] Van Buskirk H A, Thomashow M F. *Arabidopsis* transcription factors regulating cold acclimation. Physiologia Plnatarum, 2006, 126: 72-80.

[33] Gong Q Q, Li P H, Ma S S, Indu R S, Bohnert H J. Salinity stress adaptation competence in the extremophile *Thellungiella halophila* in comparison with its relative *Arabidopsis thaliana*. Plant Journal, 2005, 44: 826-839.

[34] David J P, Strode C, Vontas J. Nikou D, Vaughan A, Pignatelli P M, Louis C, Hemingway J, Ranson H. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2005, 102: 4080-4084.

[35] Zeidler D, Zahringer U, Gerber I, Dubery I, Hartung T, Bors W, Hutzler P, Durner J. Innate immunity in *Arabidopsis thaliana*: Lipopolysaccharides activate nitric oxide synthase (NOS) and induce defense genes. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2004, 101: 15811-15816.

[36] Kassahn K S. Microarrays for comparative and ecological genomics: beyond single-species applications of array technologies. Journal of Fish Biology, 2008, 72: 2407-2434.

[37] Derome N, Duchesne P, Bernatchez I. Parallelism in gene transcription among sympatric lake whitefish (*Coregonus slupeaformis* Mitchell) ecotypes. Molecular Ecology, 2006, 15, 1239-1249.

[38] Rice A M, Rudh A, Ellegren H, Qvarnström A. A guide to the genomics of ecological speciation in natural animal populations. Ecology Letters,

2011, 14: 9-18.

[39] Breyne P and Zabeau M. Genome-wide expression analysis of plant cell cycle modulated genes. Current Opinions in Plant Biology, 2001, 4: 136-142.

[40] Seidel H S, Rockman M V, Kruglyak L. Widespread genetic incompatibility in *C. elegans* maintained by balancing selection. Science, 2008, 319:589-594.

[41] Long S K D, Kinney K A, Kirisits M J. Prokaryotic suppression substractive hybridization PCR cDNA substraction, a targeted method to identify differentially expressed genes. Applied and Environmental Microbiology, 2008, 74: 225-232.

[42] Heid C A, Stevens J, Livak K J, Williams P M. Real time quantitative PCR. Genome Research, 1996, 6: 986-994.

[43] Dallas P B, Gottardo N G, Firth M J, Beesley A H, Hoffmann K, Terry P A, Freitas J R, Boag J M, Cummings A J, Kees U R. Gene expression levels assessed by oligonucleotide microarray analysis and quantitative real-time RT-PCR—how well do they correlate?. BMC Genomics, 2005, 6: 59-68.

[44] Matsumura H, Bin Nasir K H, Yoshida K, Ito A, Kahl G, Kruger D H, Terauchi R. SuperSAGE array: the direct use of 26-base-pair transcript tags in oligonucleotide arrays. Nature Methods, 2006, 3: 469-474.

[45] Cui J, Bahrami A K, Pringle E G, Hernandez-Guzman G, Bender C L, Pierce N E, Ausubel F M. Pseudomonas *syringae* manipulates systemic plant defenses against pathogens and herbivores. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2005, 102: 1791-1796

[46] Erickson D L, Fenster C B, Stenoien H, Price D. Quantitative trait locus analyses and the study of evolutionary processes. Molecular Ecology, 2004, 13: 2505-2522.

[47] Collard B C Y, Jahufer, M Z Z, Brouwer J B, Pang E C K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. Euphytica, 2005, 142: 169-196.

[48] Hohenlohe P A, Bassham S, Etter P D, Stiffler N, Johnson E A, Cresko W A. Population genomics of parallele adaptation in *Threespine Stickleback* using sequenced RAD tags. Public Library of Science Genetics, 2010, 6, e1000862.

[49] Prioul J L, Pelleschi S, Causse M, De Vienne M, Leonardi A, Pelleschi S. From QTLs for enzyme activity to candidate genes in maize. Journal of Experimental Botany, 1999, 50 (337): 1281-1288.

[50] Hervè D, Fabre F, Berrios E F, Leroux N, Al Chaarani G, Planchon C, Sarrafi A, Gentzbittel L. QTL analhysis of photosynthesis and water status traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.) under greenhouse conditions. Journal of Experimental Botany, 2001, 52: 1857-64.

[51] Weinig C. QTL architecture of resistance and tolerance traits in *Arabidopsis thaliana* in natural environments. Molecular Ecology, 2003, 12: 1153-1163.

[52] Kao C H, Zeng Z B, Teasdale R D. Multiple interval mapping for quantitative trail loci. Genetics, 1999, 152: 1203-1216.

[53] Karr T L. Application of proteomics to ecology and population biology. Herdidy, 2008, 100: 200-206.

[54] Walters J R, Harrison R G. Combined EST and proteomic analysis identifies rapidly evolving seminal fluid proteions in *Heliconius* butterflies. Molecular Biology and Evolution. 2010, 27(9): 2000-2013.

[55] Zhen Y, Dhakal P, Ungerer M C. Benefits and costs of cold acclimation in *Arabidopsis thaliana*. The American naturalist, 2011, 178(1): 44-52.

[56] Wei J N, Wang L H, Zhao J H, Li C Y, Ge F, Kang L. Ecological trade-offs between jasmonic acid-dependent direct and indirect plant defences in tritrophic interactions. New Phytologist, 2010, 189: 557-567.

[57] Rosso M N, Jones J T, Abad P. RNAi and functional genomics in plant parasitic nematodes. Annual Reviewer of Phytopathology, 2009, 47: 207-232.

[58] Roelofs D, Aarts M G M, Schat H, Van Straalen N M. Functional ecological genomics to demonstrate general and specific responses to abiotic stress. Functional Ecology, 2008, 22: 8-18.

[59] Sharma N, Cram D, Huebert T. Exploiting the wild crucifer *Thlaspi arvense* to identify conserved and novel genes expressed during a plant's response to cold stress. Plant Molecular Biology, 2007, 63:171-184.

[60] Seki M, Narusaka M, Abe H, Kasuga M, Yamaquchi-Schinozaki K, Carninci P, Hayashizaki Y, Shinozaki K. Monitoring the expression pattern of 1300 *Arabidopsis* genes under drought and cold stresses by using a full-length cDNA microarray. Plant Cell, 2001, 13: 61-72.

[61] Stürzenbaum S R, Georgiev O, Morgan A J, Kille P. Cadmium detoxification in earthworms: from genes to cells. Environmental Science & Technology, 2004, 38: 6283-6289.

[62] Roelofs D, Mariën J, Van Straalen N M. Differential gene expression profiles association with heavy metal tolerance in the soil insect *Ochesella cincta*. Insect Biolchemistry and Molecular Biolgoy, 2007, 287-295.

[63] Rizhsky L, Liang H J, Shuman J, Shulaev V, Daveletova S, Mittler R. When defense pathways collide, the response of *Arabioposis* to a combination of drought and heat stress. Plnat Physiology, 2004, 134: 1683-1696.

[64] Tollrian R, Leese F. Ecological genomics: step towards unraveling the genetic basis of inducible defense in Daphnia. BMC Biology, 2010, 8: 51-54.

[65] Schwarzenberger A, Courts C, Von Elert E. Target gene approaches: gene expression in *Daphnia magna* exposed to predator-borne kairomones or

to microcystin-producing and microcystin-free *Microcystis aeruginosa*. BMC Genomics, 2009, 10: 527.

[66] Miyakawa H, Imai M, Sugimoto N, Ishikawa Y, Ishikawa A, Ishigaki H, Okada Y, Miyazaki S, Koshikawa S, Cornette R, Miura T. Gene up-regulation in response to predator kairomones in the water flea, *Daphnia pulex*. BMC Dvelopmental Bology, 2010, 10: 45-54.

[67] Gols R, Bukovinszky T, Hemerik L, Harvey J A, Van Lenteren J C, Vet Lem. Reduced foraging efficiency of a parasitoid under habitat complexity: implications for population stability and species coexistence. Journal of Animal Ecology, 2005, 74: 1059-1068.

[68] Kessler A, Halitschke R, Baldwin I T. Silencing the jasmonate cascade: induced plant defenses and insect populations. Science, 2004, 305: 665-668.

[69] Schmidt D D, Kessler A, Kessler D, Schmidt S, Lim M, Gase K, Baldwin I T. *Solanum nigrum*: a model ecologist expression system and its tools. Molecular Ecology, 2004, 13: 981-995.

[70] Broekgaarden C, Poelman E H, Steenhuis G, Voorrips R E, Dicke M, Vosman B. Genotypic variation in genome-wide transcription profiles induced by insect feeding: *Brassica oleracea-Pieris rapae* interactions. BMC Genomics, 2007, 8: 239-251.

[71] Voelckel C, Baldwin L T. Herbivore-induced plant vaccination. Part II. Array-studies reveal the transience of herbivore-specific transcriptional imprints and a distinct imprint from stress combinations. The Plant Journal, 2004, 38: 650-663.

[72] Zheng S J, Dicke M. Ecological genomics of plant-insect interactions: from gene to community. Plant Physiology, 2008, 146: 812-817.

[73] Kant M R, Baldwin L T. The ecogeneitics and ecogenomics of plant of plant-herbivore interactions: rapid progress on a slippery road. Current Opinion in Genetics and Development, 2007, 17: 519-524.

[74] Kliebenstein D J, Kroymann J, Mitchell-Olds T. The glucosinolate-myrosinase system in an ecological and evolutionary context. Current Opinion in Plant Biology, 2005, 8(3): 264-271.

[75] Liu J, Blaylock L A, Endre G. Transcript profiling coupled with spatial expression analyses reveals genes involved in distinct developmental stages of an arbuscular mycorrhizal symbiosis. Plant Cell, 2003, 15: 2106-2123.

[76] Dita M A, Die J V, Román B, Krajinski F, Küster H, Moreno M T, Cubero J I, Rubiales D. Gene expression profiling of *Medicago truncatula* roots in response to the parasitic plant *Orobanche crenata*. Weed Research, 2009, 49: 66-80.

[77] Keymer D P, Lam L H, Boehm A B. Biogeographic patterns in genomic diversity among a large collection of Vibrio cholerae isolates. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(6): 1658-1666.

[78] Green J L, Bohannan B J M, Whitaker R J. Microbial biogeography: from taxonomy to traits. Science, 2008, 320(23): 1039-1042.

[79] Cheviron Z A, Whitehead A, Brumfield R T. Transcriptomic variation and plasticity in rufous-collared sparrows (*Zonotrichia capensis*) along an altitudinal gradient. Molecular Ecology, 2008, 17: 4556-4569.

[80] Arbeli Z, Fuentes C. Prevalence of the gene trzN and biogeographic patterns among atrazine-degrading bacteria isolated from 13 Colombian agricultural soils. FEMS Microbiological Ecology, 2010, 73: 611-623.

[81] Orr, H A. The genetic theory of adaptation: a brief history. Nature Reviews Genetics, 2005, 6: 119-127.

[82] Richardson B A, Rehfeldt G E, Kim M S. Congruent climate-related genecological response from molecular markers and quantitative traits for western white pine (*Pinus monticola*). International Journal of Plant Sciences, 2009, 170: 1120-1131.

[83] Eckert A J, Bower A D, González-Martínez S C, Wegrzyn J L, Coop G, Neale D B. Back to nature: ecological genomics of loblolly pine (*Pinus taeda*, Pinaceae). Molecular Ecology, 2010, 19: 3789-3805.

[84] Landry C R, Aubin-Horth N. Gene network architecture as a canvas for the interpretation of ecological genomcs investigations. Molecular Ecology, 2010, 19: 5084-5085.

[85] Whitehead A, Triant D, Champlin D, Nacci D. Comparative transcriptomics implicates mechanisms of evolved pollution tolerance in a killifish population. Molecular Ecology, 2010, 19: 5186-5203.

[86] Herrera C M, Bazaga P. Quantifying the genetic component of phenotypic variation in unpedigreed wild plants: tailoring genomic scan for within-population use. Molecular Ecology, 2009, 18: 2602-2614.

[87] Bergelson J, Dwyer G, Emerson J J. Models and data on plantenemy coevolution. Annual Review of Genetics, 2001, 35: 469-499.

[88] Grant M R, Godiard L, Straube E, Ashfield T, Lewald J, Sattler A, Innes R W, Dangl J K. Structure of the *Arabidopsis* RPM1 gene enabling dual specificity disease resistance. Science, 1995, 269 (5225): 843-846.

[89] Dicke M. Ecogenomics benefits community. Ecology, 2004, 305: 618-619.

[90] Rogers S, Bernatchez L. The genetic architecture of ecological speciation and the association with signatures of selection in natural lake whitefish (*Coregonus* sp. *Salmonidae*) species pairs. Molecular Biology and Evolution, 2007, 24: 1423-1438.

[91] Schluter D. Ecology and the origin of species. Trends in Ecology & Evolution, 2001, 16(7): 372-380.

[92] Funk D J, Nosil P, Etges W J. Ecological divergence exhibits consistently positive associations with reproductive isolation across disparate taxa. The National Academy of Sciences of the USA, 2006, 103: 3209-3213.

[93] Millennium Ecosystem Assessment (MEA). Ecosystems and Human Well-Being: Scenarios. Island Press, Washington, DC, 2005.

[94] Schröter D, Cramer W, Leemans R, Prentice I C, Araujo M B, Arnell N W, Bondeau A, Bugmann H, Carter T R, Gracia C A. Ecosystem service supply and vulnerability to global change in Europe. Science, 2005, 310(5752): 1333-1337.

[95] Thayer S S, Stclair S B, Field C B, Somerville S C. Accentuation of phosphorus limitation in *Geranium dissectum* by nitrogen: an ecological genomics study. Global Change Biology, 2008, 14: 1877-1890.

[96] Scheible W R, Gonzalez-Fontes A, Lauerer M, Muller-Rober B, Caboche M, Stitt M. Nitrate acts as a signal to induce organic acid metabolism and repress starch metabolism in tobacco. The Plant Cell, 1997, 9(5): 783-798.

[97] Scheible W R, Morcuende R, Czechowski T, Fritz C, Osuna D, Palacios-Rojas N, Schindelasch D, Thimm O, Udvardi M K, Stitt M. Genome-Wide reprogramming of primary and secondary metabolism, protein synthesis, cellular growth processes, and the regulatory infrastructure of *Aarabidopsis* in response to nitrogen. Plant Physiology, 2004, 136:2483-2499.

[98] Thuiller W, Richardson D M, Rouget M, Procheş S, Wilson J R U. Interactions between environment, species traits and human uses describe patterns of plant invasions. Ecology, 2006, 87:1755-1769.

[99] Milton S J, Wilson J R U, Richardson D M, Seymour C L, Dean W R J, Iponga D M, Roches S. Invasive alien plants infiltrate bird-mediated shrub nucleation processes in arid savanna. Journal of Ecology, 2007, 95(4): 648-661.

[100] Wilson J R U, Dormontt E E, Prentis P J, Loweand A J, Richardson D M. Something in the way you move: dispersal pathways affect invasion success. Trends in Ecology & Evolution, 2009, 24(3): 136-144.

[101] Procheş S, Wilson J R U, Richardson D M, Rejmánek M. Searching for phylogenetic pattern in biological invasions. Global Ecology and Biogeography, 2008, 17(1): 5-10.

[102] Dlugosch K M, Parker I M. Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions. Molecular Ecology, 2008, 17(1): 431-449.

[103] Prentis P J, Sigg D P, Raghu S, Dhileepan K, Pavasovic A, Lowe A J. Understanding invasion history: genetic structure and diversity of two globally invasive plants and implications for their management. Diversity and Distributions, 2009, 15: 822-830.

[104] Fu G L, Feng Y L. Nuclear DNA C-value of alien invasive and native plants and its relationship with invasiveness. Chinese Journal of Ecology, 2007, 26(10): 1590-1594.

[105] Guo S L, Chen G Q, Mao L H. Relationsip between DNA C-value and invasiveness in 539 angiosperm species in China. Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(8): 3698-3705.

[106] Prentis P J, Woolfit M, Thomas-Hall S R, Ortiz-Barrientos D, Pavasovic A, Lowe A J, Schenk P M. Massively parallel sequencing and analysis of expressed sequence tags in a successful invasive plant. Annals of Botany, 2010, 106: 1009-1017.

[107] Prentis P J, Wilson J R U, Dormontt E E, Richardson D M, Lowe A J. Adaptive evolution in invasive species. Trends in Plant Science, 2008, 13(6): 288-294.

[108] Shang L, Yangjing Z G, Yang J, Li B. Genomics: an important tool for understanding plant invasiveness. Biodiversity Science, 2010, 18(6): 533-546.

[109] Johnson M T, Lajeunesse M J, Agrawal A A. Additive and interactive effects f plant genotypic diversity on arthropod communities and plant fitnss. Ecology Letters, 2006, 9: 24-34.

[110] Crutsinger G M, Collins M D, Fordyce J A, Gompert Z, Nice C C, Sanders N J. Plant genotypic diversity predicts community structure and governs an ecosystem process. Science, 2006, 313: 966-968.

[111] Gobler C J, Berry D L, Dyhrmann S T, Wilhelm S W, Salamov A, Lobanov A V, Zhang Y, Collier J L, Wurch L L, Kustka A B. Niche of harmful alga *Aureococcus anophagefferens* revealed through ecogenomics. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2011, 108(11): 4352-4357.

**参考文献:**

[104] 付改兰, 冯玉龙. 外来入侵植物和本地植物核 DNA C-值的比较及其与入侵性的关系. 生态学杂志, 2007, 26(10): 1590-1594.

[105] 郭水良, 陈国奇, 毛俐慧. DNA C-值与被子植物入侵性关系的数据统计分析——以中国境内有分布的 539 种被子植物为例. 生态学报, 2008, 28(8): 3698-3705.

[108] 尚蕾, 央金卓嘎, 杨继, 李博. 基因组学: 理解植物入侵性的重要工具. 生物多样性, 2010: 18(6): 533-546.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 32, No. 18 September, 2012 (Semimonthly)

## CONTENTS

Hyperspectral characteristics of typical subtopical trees at different levels of simulated acid rain ····· SHI Qilong, JIANG Hong, CHEN Jian, et al (5621)
Wind fields and the development of wind corridors in the urban metropolis of the Pearl River Delta ····· SUN Wu, WANG Yiming, WANG Yuelei, et al (5630)
Dynamics of canopy structure and understory light in montane evergreen broadleaved forest following a natural disturbance in North Guangdong ····· OU Yuduan, SU Zhiyao (5637)
The influence of 4 species of preys on the development and fecundity of *Orius similis* Zheng ····· ZHANG Changrong, ZHI Junrui, MO Lifeng (5646)
Woody seedling regeneration in secondary succession of monsoon broad-leaved evergreen forest in Puer, Yunnan, Southwest China ····· LI Shuaifeng, LIU Wande, SU Jianrong, et al (5653)
Scale-dependent spatial variation of species abundance and richness in two mixed evergreen-deciduous broad-leaved karst forests, Southwest China ····· ZHANG Zhonghua, HU Gang, ZHU Jiedong, et al (5663)
The spatial heterogeneity of soil nutrients in a mid-subtropical *Castanopsis kawakamii* natural forest ····· SU Songjin, LIU Jinfu, HE Zhongsheng, et al (5673)
Effects of *Vetiveria zizanioides* L. growth on chemical and biological properties of copper mine tailing wastelands ····· XU Decong, ZHAN Jing, CHEN Zheng, et al (5683)
Effects of different irrigation regimes on characteristics of transpiring water-consumption of three desert species ····· SHAN Lishan, LI Yi, ZHANG Ximing, et al (5692)
The response of euhalophyte *Salicornia europaea* L. to different nitrogen forms ····· NIE Lingling, FENG Juanjuan, LÜ Sulian, et al (5703)
Dynamic analysis on spatial pattern of dominant tree species of cold-temperate coniferous forest in the succession process in the Pangquangou Nature Reserve ····· ZHANG Qindi, BI Runcheng, ZHANG Jintun, et al (5713)
Effects of AM fungi on the growth and nutrients of *Salvia miltiorrhiza* Bge. under different soil water and fertilizer conditions ····· HE Xueli, MA Li, MENG Jingjing, et al (5721)
The dynamics of soil respiration in a winter wheat field with plastic mulched-ridges and unmulched furrows ····· SHANGGUAN Yuxian, SHI Ripeng, HAN Kun, et al (5729)
Cattle dung composted by different methods had different effects on the growth and quality of soybean ····· GUO Liyue, LIU XueMei, ZHAN Lijie, et al (5738)
Nitrogen budget modelling at the headwaters of Urumqi River Based on the atmospheric deposition and runoff ····· WANG Shengjie, ZHANG Mingjun, WANG Feiteng, et al (5747)
Evaluating the ecosystem sustainability of circular agriculture based on the emergy theory: a case study of the Xingyuan circular agriculture demonstration site in Fuqing City, Fujian ····· ZHONG Zhenmei, WENG Boqi, HUANG Qinlou, et al (5755)
Effects of cold exposure and recovery on viability and energy consumption in the sub-adult female giant spiny frogs (*Paa spinosa*) ····· LING Yun, SHAO Chen, XIE Zhigang, et al (5763)
A comparison of night-interruption on diapause-averting among two populations of the cotton bollworm, *Helicoverpa armigera* ····· CHEN Yuansheng, TU Xiaoyun, CHEN Chao, et al (5770)
Effects of soil erosion control measures on soil organic carbon and total nitrogen in a small watershed ····· ZHANG Yanjun, GUO Shengli, NAN Yafang, et al (5777)
Comparative analysis of Lugu Lake watershed ecosystem function under different management authorities ····· DONG Rencai, GOU Yaqing, LI Siyuan, et al (5786)
Relationship between fish community diversity and environmental factors in the Lianjiang River, Guangdong, China ····· LI Jie, LI Xinhui, JIA Xiaoping, et al (5795)
Effect of dissolved oxygen level on metabolic mode in juvenile crucian carp ····· ZHANG Wei, CAO Zhendong, FU Shijian (5806)
Community composition of net-phytoplankton and its relationship with the environmental factors at artificial reef area in Xiangshan Bay ····· JIANG Zhibing, CHEN Quanzhen, SHOU Lu, et al (5813)
Emergy appraisal on the loss of ecosystem service caused by marine reclamation: a case study in the Taozi Bay ····· LI Ruiqian, MENG Fanping (5825)
Assessing the visual quality of urban waterfront landscapes: the case of Hefei, China ····· YAO Yumin, ZHU Xiaodong, XU Yingbi, et al (5836)

**Review and Monograph**

Advances in ecological genomics ····· SHI Yongbin, LI Junmin, JIN Zexin (5846)
Advances in studies of ecological effects of ocean acidification ····· WANG Siru, YIN Kedong, CAI Weijun, et al (5859)
Advances in feeding ecology of *Acartia* ····· HU Simin, LIU Sheng, LI Tao, et al (5870)
Research progress on ammonia-oxidizing microorganisms in estuarine ecosystem ····· ZHANG Qiufang, XU Jirong, SU Jianqiang, et al (5878)
Recent progress in research on neutrophilic, microaerophilic iron(Ⅱ)-oxidizing bacteria ····· LIN Chaofeng, GONG Jun (5889)
A comparison study on primary production in typical low-latitude seas (South China Sea and Bay of Bengal) ····· LIU Huaxue, SONG Xingyu, HUANG Honghui, et al (5900)
Advances in leaf maximum carboxylation rate and its response to environmental factors ····· ZHANG Yanmin, ZHOU Guangsheng (5907)
10-years of bird habitat selection studies in mainland China: a review ····· JIANG Aiwu, ZHOU Fang, QIN Yue, et al (5918)

**Scientific Note**

The effects of incubation temperature on embryonic metabolism and hatchling behavior in the Red-banded Snake, *Dinodon rufozonatum* ····· SUN Wenjia, YU Xiao, CAO Mengjie, et al (5924)
Sensitivity analysis and dynamics of soil microbial biomass carbon, nitrogen and related parameters in red-yellow soil of tea garden with different fertilization practices ····· WANG Limin, QIU Shanlian, LIN Xinjian, et al (5930)
Effect of fertilizers on cd uptake of two edible amaranthus herbs ····· LI Ningyu, LI Zhian, ZHUANG Ping, et al (5937)

# 《生态学报》2013 年征订启事

《生态学报》是中国生态学学会主办的生态学专业性高级学术期刊,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,300 页,国内定价 90 元/册,全年定价 2160 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 18 期　(2012 年 9 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 32　No. 18 (September, 2012)

| | | | |
|---|---|---|---|
| 编　辑 | 《生态学报》编辑部<br>地址:北京海淀区双清路 18 号<br>邮政编码:100085<br>电话:(010)62941099<br>www.ecologica.cn<br>shengtaixuebao@rcees.ac.cn | **Edited** by | Editorial board of<br>ACTA ECOLOGICA SINICA<br>Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China<br>Tel:(010)62941099<br>www.ecologica.cn<br>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<br>中国科学院生态环境研究中心<br>地址:北京海淀区双清路 18 号<br>邮政编码:100085 | **Sponsored** by | Ecological Society of China<br>Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS<br>Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China |
| 出　版 | 科学出版社<br>地址:北京东黄城根北街 16 号<br>邮政编码:1R00717 | **Published** by | Science Press<br>Add:16 Donghuangchenggen North Street,<br>Beijing　100717, China |
| 印　刷 | 北京北林印刷厂 | **Printed** by | Beijing Bei Lin Printing House,<br>Beijing 100083, China |
| 发　行 | 科学出版社<br>地址:东黄城根北街 16 号<br>邮政编码:100717<br>电话:(010)64034563<br>E-mail:journal@cspg.net | **Distributed** by | Science Press<br>Add:16 Donghuangchenggen North<br>Street, Beijing 100717, China<br>Tel:(010)64034563<br>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<br>地址:北京 399 信箱<br>邮政编码:100044 | **Foreign** | China International Book Trading<br>Corporation<br>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

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