

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

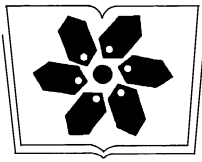
Acta Ecologica Sinica



第32卷 第8期 Vol.32 No.8 **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 8 期

2012 年 4 月 (半月刊)

目 次

东北地区 5 种阔叶树苗木对火烧的生理响应	王 荣, 胡海清	(2303)
梭梭木虱发生规律及其影响因素	李粉莲, 吴雪海, 王佩玲, 等	(2311)
基于遥感降尺度估算中国森林生物量的空间分布	刘双娜, 周 涛, 舒 阳, 等	(2320)
流域景观格局与河流水质的多变量相关分析	赵 鹏, 夏北成, 秦建桥, 等	(2331)
内蒙古达赉湖地区赤狐生境选择及生境景观特征分析	张洪海, 李成涛, 窦华山, 等	(2342)
雅鲁藏布江流域底栖动物多样性及生态评价	徐梦珍, 王兆印, 潘保柱, 等	(2351)
用组合模型综合比较的方法分析气候变化对朱鹮潜在生境的影响	翟天庆, 李欣海	(2361)
2010 年牧区 2 代草地螟成虫迁飞的虫源分析	张 丽, 张云慧, 曾 娟, 等	(2371)
基于细胞色素 b 基因的中国岩羊不同地理种群遗传差异分析	李楠楠, 刘振生, 王正寰, 等	(2381)
喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式的土壤微生物特性	鹿士杨, 彭晚霞, 宋同清, 等	(2390)
永定河沿河沙地杨树人工林生态系统呼吸特征	方显瑞, 张志强, 查同刚, 等	(2400)
基于湿地植物光谱的水体总氮估测	刘 克, 赵文吉, 郭逍宇, 等	(2410)
背瘤丽蚌 F 型线粒体基因组全序列分析	陈 玲, 汪桂玲, 李家乐	(2420)
流域“源-汇”景观格局变化及其对磷污染负荷的影响——以天津于桥水库流域为例	李崇巍, 胡 婕, 王 飒, 等	(2430)
线虫群落对抚顺煤矸石山周边土壤可溶性盐污染的响应	张伟东, 吕 莹, 肖 莹, 等	(2439)
地上竞争对林下红松生物量分配的影响	汪金松, 范秀华, 范 娟, 等	(2447)
湿地松和马尾松人工林土壤甲烷代谢微生物群落的结构特征	王 芸, 郑 华, 陈法霖, 等	(2458)
马尾松和杉木树干韧皮部水溶性糖 $\delta^{13}\text{C}$ 值对气象因子的响应	卢钰茜, 王振兴, 郑怀舟, 等	(2466)
沙坡头人工植被演替过程的土壤呼吸特征	高艳红, 刘立超, 贾荣亮, 等	(2474)
豫西刺槐能源林的热值动态	谭晓红, 刘诗琦, 马履一, 等	(2483)
铁皮石斛种子的室内共生萌发	吴慧凤, 宋希强, 刘红霞	(2491)
红光与远红光比值对温室切花菊形态指标、叶面积及干物质分配的影响	杨再强, 张继波, 李永秀, 等	(2498)
扑草净对远志幼苗根系活力及氧化胁迫的影响	温银元, 郭平毅, 尹美强, 等	(2506)
地表臭氧浓度增加和 UV-B 辐射增强及其复合处理对大豆光合特性的影响	郑有飞, 徐卫民, 吴荣军, 等	(2515)
AMF 对喀斯特土壤枯落物分解和对宿主植物的养分传递	何跃军, 钟章成, 董 鸣	(2525)
传统豆酱发酵过程中细菌多样性动态	葛菁萍, 柴洋洋, 陈 丽, 等	(2532)
定位施肥对紫色菜园土磷素状况的影响	孙倩倩, 王正银, 赵 欢, 等	(2539)
基于生态需水保障的农业生态补偿标准	庞爱萍, 孙 涛	(2550)
保障粮食安全造成的生态价值损失评估模型及应用	芦蔚叶, 姜志德, 张应龙, 等	(2561)
专论与综述		
疏浚泥用于滨海湿地生态工程现状及在我国应用潜力	黄华梅, 高 杨, 王银霞, 等	(2571)
问题讨论		
厌氧氨氧化菌群体感应系统研究	丁 爽, 郑 平, 张 萌, 等	(2581)
基于形态结构特征的洞庭湖湖泊健康评价	帅 红, 李景保, 夏北成, 等	(2588)
研究简报		
黄土高原不同树种枯落叶混合分解效应	刘增文, 杜良贞, 张晓曦, 等	(2596)
不同经营类型毛竹林土壤活性有机碳的差异	马少杰, 李正才, 王 斌, 等	(2603)
干旱对辣椒光合作用及相关生理特性的影响	欧立军, 陈 波, 邹学校	(2612)
硅和干旱胁迫对水稻叶片光合特性和矿质养分吸收的影响	陈 伟, 蔡昆争, 陈基宁	(2620)

期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 326 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 36 * 2012-04



封面图说: 红树林粗大的气生根——红树林是热带、亚热带海湾及河口泥滩上特有的常绿灌木或乔木群落。由于海水环境条件特殊,红树林植物具有一系列特殊的生态和生理特征。其中之一就是气根,红树从根部长出许多指状的气生根露出海滩地面,以便在退潮时甚至潮水淹没时用以通气,故称呼吸根。在中国,红树林主要分布在海南、广西、广东和福建省沿海,它一般分布于高潮线与低潮线之间的潮间带,往往潮差越大,红树的呼吸根就长得越高越粗大。

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

DOI: 10.5846/stxb201109271418

陈玲,汪桂玲,李家乐. 背瘤丽蚌 F 型线粒体基因组全序列分析. 生态学报, 2012, 32(8): 2420-2429.

Chen L, Wang G L, Li J L. Analysis on complete F type of mitochondrial genome in *Lamprotula leai*. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(8): 2420-2429.

背瘤丽蚌 F 型线粒体基因组全序列分析

陈 玲¹, 汪桂玲^{1,*}, 李家乐^{1,2}

(1. 上海海洋大学农业部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; 2. 上海市高校水产养殖学 E-研究院, 上海 201306)

摘要: 部分双壳贝类的线粒体遗传方式是特殊的双重单亲遗传方式: F 型存在于雌性体细胞组织和性腺中, M 型仅存在于雄性个体的性腺中。通过 LA-PCR 扩增、SHOT-GUN 测序、软件拼接获得背瘤丽蚌 (*Lamprotula leai*) F 型线粒体基因组全序列。线粒体基因组全长为 16530 bp, 包括 13 个蛋白质编码基因, 22 个 tRNA 其中包括 2 个 tRNA^{Ser} 和 2 个 tRNA^{Leu}, 2 个 SrRNA 及 27 个长度不等的非编码区, 最长的两个非编码区分别为 969 bp、228 bp。比较分析已登录到 GenBank 中的淡水蚌类 F 型线粒体结构特征, 结果显示背瘤丽蚌 F 型 A+T 含量为 60.28%, 表现出 A+T 偏好性, 淡水蚌类线粒体基因组长度的差异主要表现为非编码区长度的差异。此外, 背瘤丽蚌 mtDNA 的 CO II-12S rRNA 区域基因排列存在差异, 是 ND3、tRNA^{His}、tRNA^{Ala}、tRNA^{Ser1}、tRNA^{Ser2}、tRNA^{Glu}、ND2、tRNA^{Met} 8 个基因发生重排造成。F 型线粒体序列构建的系统进化树中, 淡水蚌类和海水双壳贝类分别聚为一支。研究结果为进一步研究淡水珍珠蚌的 DUI 线粒体遗传方式和种质资源保护奠定基础, 为双壳贝类 mtDNA 基因重排提供依据。
关键词: 背瘤丽蚌; 线粒体基因组; 序列分析; 基因重排

Analysis on complete F type of mitochondrial genome in *Lamprotula leai*

CHEN Ling¹, WANG Guiling^{1,*}, LI Jiale^{1,2}

1 Key laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Shanghai Ocean University, Ministry of Agriculture, Shanghai 201306, China

2 Aquaculture Division, E-Institute of Shanghai Universities, Shanghai 201306, China

Abstract: *Lamprotula leai* is an important freshwater mussel for pearl production. Doubly Uniparental Inheritance (DUI) is one of the most striking exceptions to the general rule of strict maternal transmission of mitochondrial DNA (mtDNA) in animals, and characterized by the presence of gender-associated mtDNA lineages that are inherited through male (male-transmitted or M type) or female (female-transmitted or F type) respectively. The complete mitochondrial genome of F type of *Lamprotula leai* was obtained using long and accurate polymerase chain reaction (LA-PCR), shotgun sequencing. The genome contains 16,530 base pairs and 13 protein-coding genes, 22 transfer RNA genes including 2 tRNA^{Ser} and 2 tRNA^{Leu}, anticodons are tRNA^{Leu1}(UUR) = (TAA), tRNA^{Leu2}(CUN) = (TAG), tRNA^{Ser1}(AGN) = (TCT), tRNA^{Ser2}(UCN) = (TGA), 2 ribosomal RNA genes, and 27 non-coding regions. The base composition for is 36.34% A, 23.94% T, 27.17% C, 12.55% G and 60.28% (A+T). Most genes are encoded on the L strand while ND3—ND5, ND4L, CO I—CO III, ATP8, ATP6, tRNA^{Asp}, tRNA^{His} are encoded on the H strand. The structure and organization of mitochondrial genomes of *L. leai* and other six freshwater mussels were analyzed using comparative genomics and bioinformatics methods. Results showed that: (i) Strong bias is toward A+T for the F type genome of *L. leai*. (ii) The striking mitochondrial genome difference in the size performed on the non-coding regions in all these freshwater mussels. (iii) The gene arrangement of *L. leai* is identical to that of *Hyriopsis cumingii*, but is different from that of *Cristaria plicata*, *Lampsilis ornate*, *Pyganodon grandis*, *Quadrula quadrula* and *Venustaconcha ellipsiformis* between CO II and 12S rRNA. Therefore, the F type of freshwater

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31101939)

收稿日期: 2011-09-27; 修订日期: 2012-02-27

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: glwang@shou.edu.cn

mussels exist two gene orders between CO II and 12S rRNA: one is CO II -ND3-H-A-S1-S2-E-ND2-M-W-R-rrnS, another is CO II -H-S1-ND2- M-ND3-A-S2-E- W-R-rrnS. The difference is caused by rearrangement of 8 genes, including ND3, tRNA^{His}, tRNA^{Ala}, tRNA^{Ser1}, tRNA^{Ser2}, tRNA^{Glu}, ND2 and tRNA^{Met}. (iv) 13 protein genes contain 4 initiation codons which are I (AUU, AUC), V (GUG), M(AUA), L(UUG) and the stop codons of UAA or UAG with the exception of ND4 with incomplete T. (v) Analysis show that most of 22 tRNAs have typical cloverleaf structures, the acceptor of tRNA^{Lys} and tRNA^{Thr} have bulge loop for T and A base unpairing, the anticodon loop of tRNA^{S2} has 9 bases. 5 kinds of base unpairing are showed in the secondary structure of tRNA, such as A-C, A-A, G-T, T-T and T-C, in acceptor, D-loop and TψC loop. (vi) 27 noncoding regions exist in *L. leai*, ranging in size from 1 to 969 bp. 4 largest noncoding regions are found between ND5-tRNA^{Gln} (969bp), tRNA^{Glu}-tRNA^{Trp} (288 bp), ND3-tRNA^{Trp} (116 bp), and tRNA^{His}-tRNA^{Ser} (114 bp), only the 116 bp noncoding regions has an high A+T content (A+T=74.14%). (vii) Phylogenetic trees show that *L. leai* is clustered together with other freshwater mussels and far away from marine bivalves. The results of this study provide basic information for genetic resources and rule of DUI transmission of mtDNA in freshwater mussel, also provide the basis and model for gene rearrangement of mitochondrial genome in bivalves.

Key Words: *Lamprotula leai*; F type of mitochondrial genome; sequence analysis; gene rearrangement

人们一直认为动物 mtDNA 是严格的母系遗传,目前在双壳纲贝类(Bivalve)中发现存在另一种特殊的 mtDNA 遗传——双单亲遗传(Doubly Uniparental Inheritance, DUI)。这种遗传方式使后代中雌性的 mtDNA 只来自母系(female-transmitted, F type),与严格的母系遗传相似;而雄性的 mtDNA 来自双亲,在体细胞中存在 F 型 mtDNA,在精巢中存在父系 mtDNA(male-transmitted, M type)^[1]。目前的研究表明在双壳纲 3 个亚纲即翼形亚纲(贻贝目)、左列齿亚纲(蚌目)、异齿亚纲(帘蛤目)的物种中存在 DUI 现象^[2],说明 DUI 现象可能普遍存在于双壳贝类中。脊椎动物中的基因排列彼此十分相似,它们都存在相似的基因排列,然而在一些无脊椎动物中,基因顺序和基因组并不保守^[3]。软体动物作为动物界的第二大门,基因重排数量极大,尤其是双壳贝类有最大数量的基因重排^[4]。

背瘤丽蚌(*Lamprotula leai*)俗称麻皮蚌,属蚌科(Uionidae)珠蚌亚科(Unioninae)丽蚌属,是我国特有的淡水经济贝类,贝壳珍珠层洁白坚厚,是制造珠核、钮扣及工艺品的主要原料,蚌肉亦可食用或作饲料,具有较高的经济价值^[5];然而自 20 世纪 80 年代后,江河湖泊中背瘤丽蚌种质资源量急剧下降,已先后被江西、湖南、湖北、安徽、广西等省列为重点保护野生动物^[6]。目前,国内外有关背瘤丽蚌的分子遗传和生态研究仅限于微卫星分子标记开发^[7]等方面,其基因及基因组的研究基本空白。本研究测定了背瘤丽蚌的 F 型线粒体基因组全序列,并与已报道的 6 种具有 DUI 遗传现象的淡水蚌类 F 型线粒体基因组进行比较,分析其序列差异、基因排列方式及系统进化关系等,以期为进一步研究淡水珍珠蚌的 DUI 线粒体遗传方式和种质资源保护奠定基础,为双壳贝类 mtDNA 基因重排提供依据和模型。

1 材料与方法

1.1 样本采集、性别鉴定及其线粒体 DNA 的提取

实验所用背瘤丽蚌采自浙江金华威旺养殖新技术有限公司。选取性成熟且发育良好的单一个体用针管沾取少量性腺组织在显微镜下进行雌雄鉴定。取新鲜卵巢组织 50—100 mg,采用改进的碱变性法^[8]提取线粒体 DNA,并保存于-80℃备用。

1.2 线粒体全序列的 PCR 扩增及测序

线粒体 CO I 和 16S rRNA 短片段用通用引物扩增得到,引物为 CO I 149 (5'-GGTCAACAAATCATA-AAGATATTGG-3'), CO I 2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3')^[9]; 16SAR-L (5'-GCCTGTTTAT-CAAAAACAT-3'), 16SAR-H (5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3')^[10]。PCR 反应体系为 25 μL,模板 mtDNA 为 100 ng,buffer mixture 2.5 μL,引物各 1 μL (浓度 10 μmol/L),dNTPs 4 μL (浓度 2.5 mmol/L),LA-Taq 酶

2.5U,灭菌水补足至25 μ L。反应条件为98 $^{\circ}$ C预变性10s,94 $^{\circ}$ C变性30s,48 $^{\circ}$ C/45 $^{\circ}$ C退火30s,72 $^{\circ}$ C延伸2min,35个循环,最后72 $^{\circ}$ C延伸10min。PCR产物经0.8%的琼脂糖凝胶电泳检测,确认获得两段长约500—750bp目的条带,上海生工生物技术有限公司测序。

背瘤丽蚌线粒体全基因组的扩增采用LA-PCR。将前期得到的CO I和16SrRNA两段序列为模板设计两对PCR产物,引物分别为BLL-F(5'-CGAAAGTTGGGTTTGCGA-3'),BLL-R(5'-CCGTTGTTTG TGTGGGCT-3');BLS-F(5'-TTGGGTTTGCGACCTCGATGTT-3'),BLS-R(5'-TGTGTTGGCAGGGG CGATTACT-3')。PCR反应体系为50 μ L,模板mtDNA约为100ng,buffer mixture 5 μ L,引物2 μ L(浓度10 μ mol/L),dNTPs 8 μ L(浓度2.5mmol/L),LA-Taq酶5U,灭菌水补足至50 μ L。反应条件为:98 $^{\circ}$ C预变性10s,94 $^{\circ}$ C变性1min,55.9 $^{\circ}$ C/62.1 $^{\circ}$ C退火30s,68 $^{\circ}$ C延伸10min,35/30个循环,最后72 $^{\circ}$ C延伸17/10min。PCR产物经1%的琼脂糖凝胶电泳检测后送至大连Takara生物技术有限公司进行鸟枪法测序。

1.3 全序列的拼接、分析及提交

测序结果通过BLAST检索^[11],确定序列与GenBank中所收录的双壳贝类相应区段有较高同源性后,利用测序峰图结果分析软件Chromas 2.33,结合SeqMan II和MegAlign(DNASTAR)将其与前期得到的CO I和16S rRNA两个片段拼接成一个完整的基因组全序列。使用OGDRAW^[12]软件根据本实验测序得到的背瘤丽蚌线粒体基因组中各基因的长度及相对位置绘制线粒体基因组图。序列总长、碱基组成、AT含量及氨基酸密码子的偏好性用Editseq 7.1统计,tRNAscan-SE预测tRNA二级结构,加上人工辅助校正^[13-14],茎环结构的预测采用RNA structure5.1^[15],全基因组序列经Sequin 7.9注释后提交GenBank(Accession No. JQ691662)。

1.4 淡水贝类F型mtDNA基因组的对比分析

下载已登录GenBank的6种具有DUI遗传现象的淡水蚌类F型mtDNA基因组全序列,与实验得到的背瘤丽蚌F型mtDNA基因组全序列进行比较,根据基因定位信息分析基因排列顺序差异,Editseq 7.1软件统计碱基组成、AT含量,氨基酸及其密码子的偏好性,在线工具Pairwise Sequence Alignment比较蛋白质编码基因的相似度。

1.5 系统进化树的构建

从GenBank下载了12种双壳贝类的mtDNA基因组全序列,利用MEGA5.1软件,使用4种不同的方法(NJ、ME、MP和UPGMA)构建系统进化树,并用重复1000次的自展(Bootstrap)检验计算各分支的置信值,分析双壳贝类的系统进化关系。

2 结果与分析

2.1 背瘤丽蚌线粒体全基因组分析

2.1.1 基因组结构

背瘤丽蚌mtDNA序列全长16530 bp,基因定位包括13个蛋白质编码基因、22个tRNA、2个rRNA基因和27个长为1—969bp不等的非编码区。除ND3—ND5,ND4L,CO I—CO III,ATP8,ATP6,tRNA^{Asp},tRNA^{His}在H链上编码外,其他基因均在L链上编码(图1),这与其他淡水蚌类基因编码方式一致。从Genbank上下载了6种淡水蚌F型mtDNA的全序列,比较背瘤丽蚌和其他6种F型mtDNA的CO II-12SrRNA基因排列顺序,发现背瘤丽蚌与三角帆蚌*Hyriopsis cumingii*基因排列方式一致,与褶皱冠蚌*Cristaria plicata*、*Lampsilis ornata*、*Pyganodon grandis*、*Quadrula quadrula*、*Venustaconcha ellipsiformis*在CO II-12S rRNA区域基因排列存在差异(图2),具体是在ND3、tRNA^{His}、tRNA^{Ala}、tRNA^{Ser1}、tRNA^{Ser2}、tRNA^{Glu}、ND2、tRNA^{Met}8个基因间发生了重排。在tRNA^{Val}-tRNA^{Leu1}、ND2-tRNA^{Met}、tRNA^{Arg}-12S rRNA、tRNA^{Tyr}-16S rRNA、16S rRNA-tRNA^{Leu2}之间均有1bp的碱基重叠。褶皱冠蚌tRNA^{Lys}-tRNA^{Thr}和ND4-ND4L之间分别存在1bp和8bp的重叠;*V. ellipsiformis* ND2-tRNA^{Met}有5bp重叠,ND4-ND4L有8bp重叠;*P. grandis* ND2-tRNA^{Met}有2bp的重叠,tRNA^{Lys}-tRNA^{Thr}有1bp的重叠,ND4-ND4L有8bp重叠;*L. ornata*、*Q. quadrula* ND4-ND4L均有8bp重叠;而三角帆蚌线粒体基因组存在6处基因重叠,重叠碱基达到32个,除ND4-ND4L、ND2-tRNA^{Met}的碱基重叠外,其tRNA^{Lys}-tRNA^{Thr}、

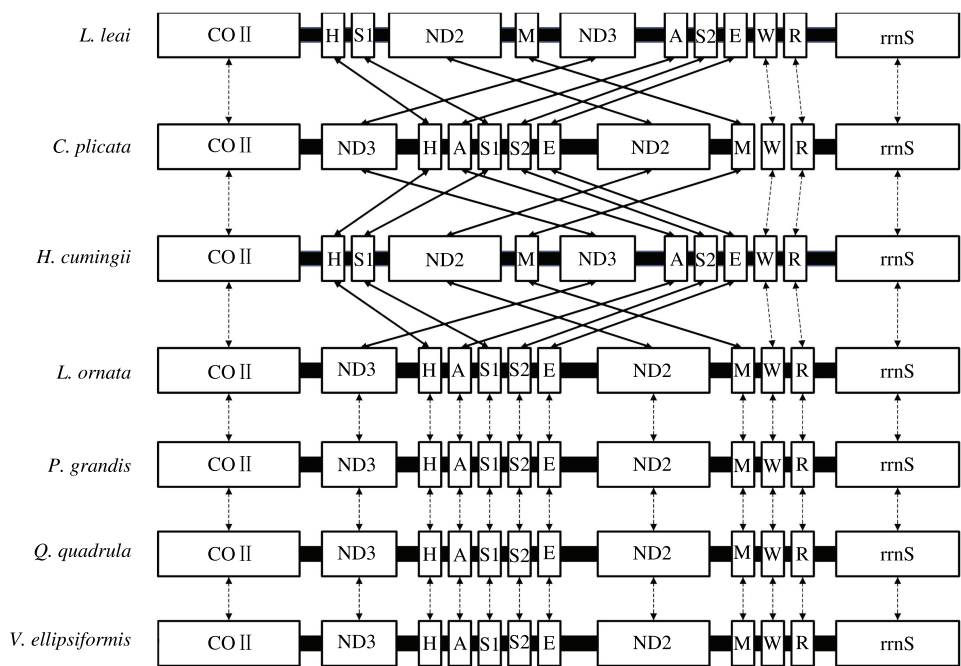


图2 7种淡水贝类线粒体基因组 CO II-12SrRNA 之间的基因顺序

Fig.2 Sequences arrangement between CO II-12SrRNA of mitochondrial genome in 7 freshwater bivalves

7种淡水贝类分别是背瘤丽蚌 (*Lamprotula leai*)、褶纹冠蚌 (*Cristaria plicata*)、三角帆蚌 (*Hyriopsis cumingii*)、*Lampsilis ornata*、*Pyganodon grandis*、*Quadrula quadrula*、*Venustaconcha ellipsiformis*;排列位置相同的基因由虚线箭头表示,排列位置不同的基因由实线箭头表示;单字母缩写为 tRNA 基因;各基因间的间隔为非编码区

表1 7种淡水蚌类线粒体全基因组碱基组成

物种 Species	登录号 GenBank	Table 1 Nucleotide composition of 7 freshwater bivalves									
		全基因组 Genome		蛋白编码基因 Protein-coding genes		tRNA 基因 tRNA genes		rRNA 基因 rRNA genes		非编码区 Non-coding region	
		长度/bp	A+T /%	长度/bp	A+T /%	长度/bp	A+T /%	长度/bp	A+T /%	长度/bp	A+T /%
<i>L. leai</i>	JQ691662	16530	60.28	11143	59.99	1420	60.69	2138	59.49	1832	62.72
<i>C. plicata</i>	FJ986302	15712	63.76	11140	62.97	1411	64.85	2129	64.40	1041	69.55
<i>H. cumingii</i>	FJ529186	15954	60.24	11091	59.50	1405	62.70	2131	60.77	1359	63.13
<i>L. ornata</i>	AY36513	16060	62.35	11169	61.63	1438	64.19	2161	61.92	1300	67.46
<i>P. grandis</i>	FJ809754	15848	64.27	11175	63.65	1413	63.77	2118	63.17	1153	73.03
<i>Q. quadrula</i>	FJ809750	16033	62.62	11100	61.94	1430	62.45	2154	63.00	1357	67.84
<i>V. ellipsiformis</i>	FJ809753	15957	61.83	11196	61.81	1429	63.47	2136	62.87	1227	67.73

2.1.4 蛋白质编码基因

背瘤丽蚌 13 个蛋白质编码基因的序列总长为 11143 bp, 占全序列的 67.41%, 低于其他淡水蚌类的蛋白质编码基因的含量(69.23%—70.90%)。背瘤丽蚌 ND2、ND3、ND4、CO II、CO III、ATP6 和 ATP8 以 AUG 为起始密码子, ND4L、CO I 以 UUG 为起始密码子, ND5 以 GUG 为起始密码子, Cytb、ND1 以 AUU 为起始密码子, ND6 则以 AUC 为起始密码子。背瘤丽蚌除 ND4 为不完整的终止密码子 T 之外, 其余 12 个蛋白质编码基因均具有完整终止密码子 TAA 或 TAG。其他淡水蚌类中, 褶纹冠蚌 ND2、*V. ellipsiformis* Cytb 为不完整的终止密码子 T, 三角帆蚌、*Q. quadrula*、*P. grandis* 蛋白质编码基因中不存在不完整的终止密码子。对 7 种淡水蚌类蛋白质编码基因相似度进行比较, 发现背瘤丽蚌各蛋白质编码基因与其他蚌类各蛋白质编码基因相似度各异, CO I、CO II 及 CO III 的相似度较高, ND2 相似度较低, 而 ATP8 相似度最低。物种上, 背瘤丽蚌各蛋白质编

码基因与三角帆蚌、*Q. quadrula* 相似度较高,与 *P. grandis* 相似度最低。

表 2 七种淡水贝类线粒体基因组蛋白质编码基因氨基酸和密码子偏好性比较

Table 2 Amino acids and codon usage of protein-coding genes of 7 freshwater bivalves

偏好性 Bias	氨基酸和密码子 Amino acids and codons	物种 Species						
		<i>L. leai</i>	<i>C. plicata</i>	<i>H. cumingii</i>	<i>L. ornata</i>	<i>P. grandis</i>	<i>Q. quadrula</i>	<i>V. ellipsiformis</i>
氨基酸偏好性	氨基酸总数	3702	3701	3684	3711	3712	3687	3713
Amino acids	最常用	Leu/569	Leu/586	Leu/565	Leu/576	Leu/571	Leu/557	Leu/566
	%	15.37	15.83	15.34	15.79	15.38	15.10	15.24
	第二常用	Val/389	Val/343	Val/415	Val/375	Val/339	Val/368	Val/370
	%	10.50	9.27	11.26	9.24	9.13	9.98	9.97
	最不常用	Cys/59	Cys/52	Cys/60	Cys/58	Cys/55	Cys/60	Arg/59
	%	1.59	1.41	1.63	1.40	1.48	1.62	1.59
密码子偏好性	密码子总数	3714	3713	3697	3723	3725	3700	3725
Codon usage	最常用	UUU/259	UUU/250	UUU/264	UUU/267	UUU/255	UUU/283	UUU/278
	%	6.97	6.73	7.14	7.17	6.85	7.65	7.46
	第二常用	GUU/196	AUU/207	GUU/192	GUU/190	AUU/222	AUU/188	AUU/197
	%	5.28	5.58	5.19	5.10	5.96	5.08	5.29
	最不常用	CGC/5	CGC/5	CGC/7	CGC/4	CGC/5	CGC/3	CGC/6
	%	0.13	0.13	0.19	0.11	0.13	0.08	0.16

2.1.5 转运 RNA(tRNA)与核糖体 RNA(rRNA)分析

背瘤丽蚌线粒体基因组具有 22 个 tRNA,长度为 60—70 bp。分别含有 2 个 tRNA^{Ser} 和 tRNA^{Leu},其反密码子分别为 tRNA^{Leu1}(UUR) = (TAA), tRNA^{Leu2}(CUN) = (TAG), tRNA^{Ser1}(AGN) = (TCT), tRNA^{Ser2}(UCN) = (TGA)。除 tRNA^{Asp} 和 tRNA^{His} 在 H 链编码外,其余 20 个均在 L 链编码,这与其他淡水蚌类均相同。22 个 tRNA 的二级结构存在 5 种碱基错配 AC、AA、GT、TT、TC,碱基错配主要发生在氨基酸接受臂、DHU 臂和 T ψ C 臂上。22 个 tRNA 中 tRNA^{Lys} 和 tRNA^{Thr} 的接受臂 UA 不能配对形成凸环, tRNA^{S2} 反密码子环有 9 个碱基组成,这一结果与褶纹冠蚌 tRNA 的一致,其余 19 个 tRNA 均具有典型的三叶草结构(图 3)。

背瘤丽蚌 12S rRNA 长 848 bp,位于 tRNA^{Arg} 和 tRNA^{Lys} 之间,16S rRNA 长 1290 bp,位于 tRNA^{Tyr} 和 tRNA^{Leu} 之间。12S rRNA 和 16S rRNA 均在 L 链编码,总长 2138 bp,比 *L. ornata*、*Q. quadrula* 的分别短 23 bp 和 16 bp,但是比 *P. grandis*、褶纹冠蚌、三角帆蚌、*V. ellipsiformis* 分别长 20 bp、9 bp、7 bp 和 2 bp;其 A+T 含量为 59.49%,比其他淡水蚌类的都低(表 1)。

2.1.6 非编码区分析

背瘤丽蚌线粒体基因组包含大量非编码的核苷酸,非编码区长 1832 bp,是 7 种淡水蚌类中序列最长的,占全序列的 11.08%,A+T 含量为 62.72%。由 27 个长度不等的非编码区构成,大于 100 bp 的非编码区有 4 处:969 bp 位于 ND5—tRNA^{Gln} 之间、288 bp 位于 tRNA^{Glu}—tRNA^{Trp} 之间、116 bp 位于 ND3—tRNA^{Trp} 之间以及 114 bp 位于 tRNA^{His}—tRNA^{Ser} 之间。后生动物线粒体基因组中通常包含多个大小不一的非编码区^[16-17],非编码区通常包含线粒体基因的复制和转录信号,因此常常被称为控制区^[18]。A+T 含量较高是非编码区序列的一个典型特征,可用来鉴定线粒体的复制起始。串连重复序列在动物线粒体控制区比较常见,它经常形成稳定的二级结构,在线粒体基因的复制和转录的早期阶段发挥着重要作用^[19-20]。利用 Simple Plot^[21] 在 100bp 滑动窗口算法条件下搜寻背瘤丽蚌 mtDNA 的 A+T 含量时发现,在 ND3—tRNA^{Ala} 之间 A+T 含量达到 78%,主要是该区域存在一个长度为 116bp 的非编码区,EditSeq 统计该非编码区 A+T 含量高达 74.14%,分析发现该区域存在多个连续的 A/T 重复序列。

2.2 背瘤丽蚌系统进化分析

将背瘤丽蚌线粒体基因组全序列与其他 12 种双壳贝类线粒体基因组全序列进行多重序列比对后,以软

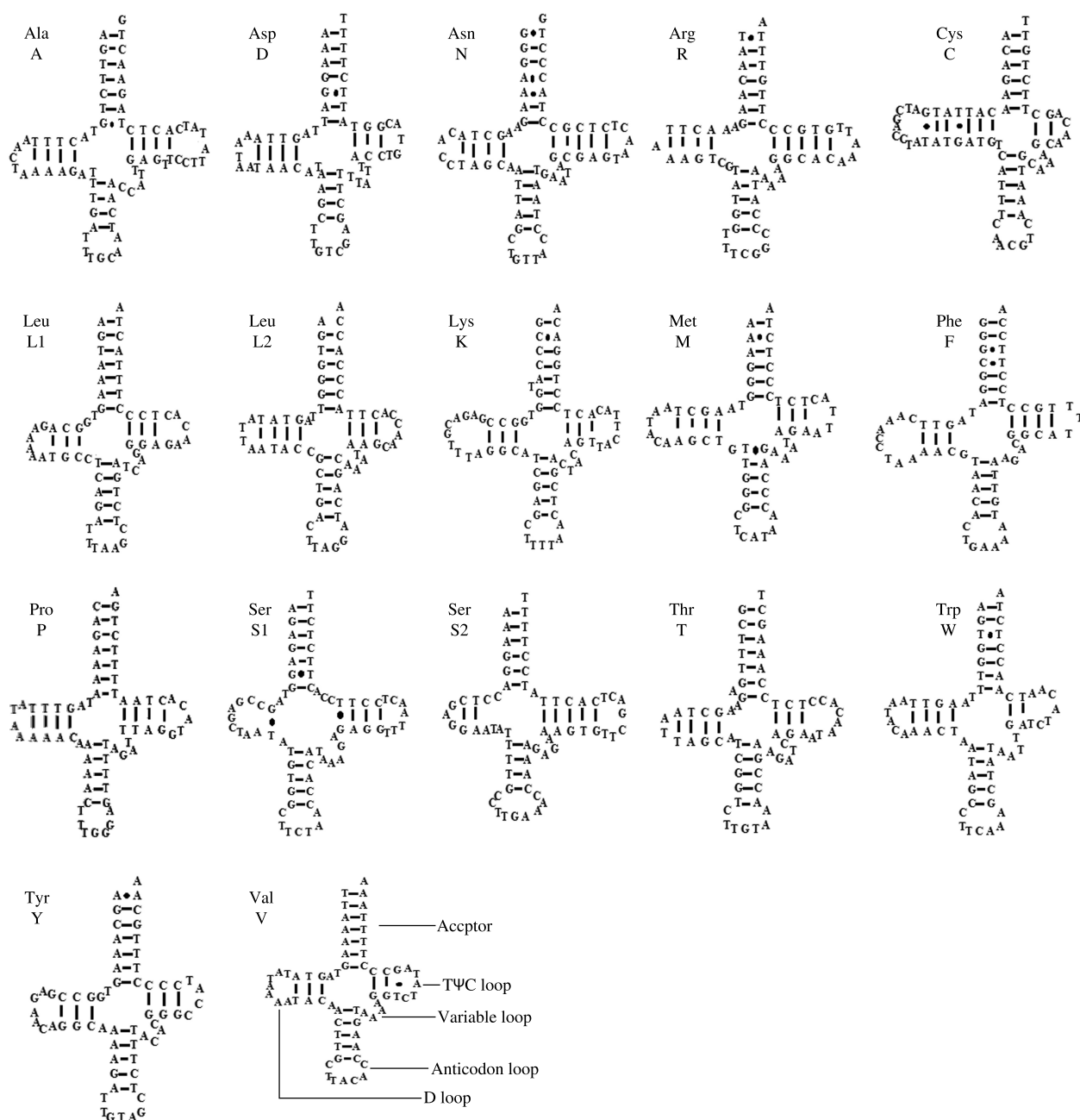


图3 背瘤丽蚌转运 RNA 二级结构

Fig. 3 Secondary structures of tRNA for *L. leai*

体动物门多板纲 (Polyplacophora) 的半隐石鳖 (*Katharina tunicata*) 作为外群, 采用 MEGA5.1 软件以 4 种不同的方法 (NJ、ME、MP 和 UPGMA) 构建系统进化树, 分析双壳贝类系统进化关系。4 种方法所建立的系统进化树都显示了相同的进化拓扑结构, 从图 4 的 NJ 和 ME 进化树中可以看出, 系统进化树由两大支构成, 一支由贻贝属和牡蛎属的 6 种海洋双壳贝类构成, 而另外一支由淡水双壳贝类构成, 然后这两大支汇合成一大支。另外背瘤丽蚌与三角帆蚌聚为一小支, 说明与三角帆蚌亲缘关系最近。

3 讨论

淡水蚌类 F 型线粒体基因组长度的差异主要表现为非编码区的差异^[22], 背瘤丽蚌线粒体基因组总长 16530 bp, 蛋白质编码基因总长 11143 bp, tRNA 基因总长 1420 bp, SrRNA 基因总长 2138 bp, 非编码区总长 1832 bp; 褶皱纹蚌线粒体基因组总长 15712 bp, 蛋白质编码基因总长 11140 bp, tRNA 基因总长 1411 bp,

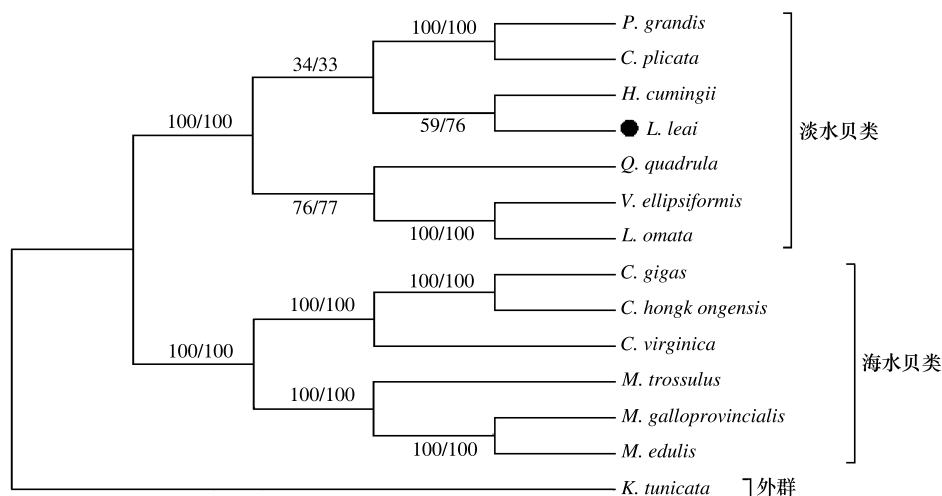


图 4 基于线粒体基因组全序列构建的 NJ 树和 ME 树

Fig. 4 The NJ-tree and ME-tree of mitochondrial genome

节点上数值分别表示: (1) NJ 方法的 bootstrap 值 (1000 次重复); (2) ME 方法的 bootstrap 值 (1000 次重复); *Pyganodon grandis* (FJ809754)、*Cristaria plicata* (FJ986302)、*Hyriopsis cumingii* (FJ529186)、*Venustaconcha ellipsiformis* (FJ809753)、*Lampsilis ornata* (AY365193)、*Quadrula quadrula* (FJ809750)、*Crassostrea gigas* (NC_001276)、*Crassostrea hongkongensis* (NC_011518)、*Crassostrea virginica* (NC_007175)、*Mytilus trochus* (AY_823625)、*Mytilus galloprovincialis* (AY_497292)、*Mytilus edulis* (AY_484747)、*Katharina tunicata* (NC_001636)

rRNA 基因总长 2129 bp, 非编码区总长 1043 bp, 与背瘤丽蚌非编码区相比存在较大差异。究其原因可能是非编码区所受的进化压力较小, 自然选择的约束力较弱, 与编码区相比具有长度和位点多态性。此外, 背瘤丽蚌在已知的所有淡水蚌类线粒体中 A+T 含量最低, 但这是相对而言的, 其绝对含量仍然较高: 全基因组 A+T 含量为 60.28%, 非编码区 A+T 含量高达 62.72%。有 6 个大于 50bp 的非编码区, 两个较长的非编码区分别长 969 和 288 bp, 分别占非编码序列的 52.89% 和 15.72%。第 3 个较大的非编码区为 116bp, 并且其 A+T 含量高达 74.14%, 推测其可能为控制区, 但是由于无脊椎动物的控制区没有被很好的定性, 而且缺少离散的保守序列来确定^[23], 这就可能使轻链与重链复制起始的确定变得更加混乱。

背瘤丽蚌线粒体基因组同其他几种已经报道的淡水蚌类相似, 均编码 37 个基因, 包括 13 个蛋白质编码基因、22 个 tRNA 基因、2 个 SrRNA 基因。基因编码方式也一致, 除 ND3—ND5, ND4L, CO I—CO III, ATP8, ATP6, tRNA^{Asp} 和 tRNA^{His} 在 H 链上编码外, 其他基因均在 L 链上编码。而海水双壳贝类 mtDNA 的编码基因只在一条链上编码^[24], 这种差别可能是由于淡水蚌类与海水贝类所处的生存环境不同所造成的。另外, 淡水蚌类与海水贝类相比多一个 ATP8 基因, 目前认为其与双壳贝类细胞质的渗透压平衡有关^[24]。线粒体基因组比核基因组进化速度快^[26], 且表现出不同区域进化速率的差异性。背瘤丽蚌 13 个蛋白质编码基因共编码 3702 个氨基酸, 其保守程度各异。CO II 和 CO III 为最保守的基因, 而 ATP8 基因最不保守, 相对不保守的为 ND2 和 ND6, 其他蛋白质编码基因表现为中等的进化速率。13 种蛋白质编码基因碱基序列存在较大的差异, 但是编码的氨基酸差别较小, 主要是由于发生了“同义取代”。这种同义取代偏向于密码子的第 3 位上, 并且腺嘌呤 A 的使用频率高于其他 3 种碱基。同义取代可认为是线粒体系统在进化速率较快的情况下维持自身蛋白质结构与功能稳定性的一种方式^[27-28]。

淡水蚌类线粒体基因间存在不同程度的基因重叠现象。背瘤丽蚌共有五处基因重叠, 且重叠碱基数为 1bp, 其他淡水蚌类基因重叠多发生于 ND2—tRNA^{Met} 和 ND4—ND4L 之间, 而海水双壳贝类 ND4 和 ND4L 之间则多由其它蛋白质编码基因、tRNA 基因或非编码区隔开, 不存在基因重叠现象。目前已报道的淡水蚌类的线粒体基因的排列顺序有两种, 差异主要存在于 CO II—rrnS 之间基因的排列顺序, 背瘤丽蚌与三角帆蚌 CO II—rrnS 之间基因的排列顺序为: CO II-ND3-H-A-S1-S2-E-ND2-M-W-R-rrnS; 而褶纹冠蚌、*L. ornata*、

V. ellipsiformis、*P. grandis*、*Q. quadrula* CO II—*rrnS* 之间基因的排列顺序为: CO II -H-S1-ND2-M-ND3-A-S2-E-W-R-*rrnS*。已报道的淡水蚌类 CO II -*rrnS* 之间都存在几个较大的非编码序列,其中最多的三角帆蚌共有 5 个较长的非编码区,背瘤丽蚌也有包括 A+T 含量最高的 116bp 的非编码区在内的 3 个重要非编码区位于此区间。双壳贝类线粒体基因顺序发生变化是因为存在明显的基因复制和缺失,最熟悉和被接受的是复制和缺失机制。在复制时一小部分基因被复制,导致在基因或基因组中产生串联的拷贝,一旦一个没有功能的突变出现在一个基因拷贝中,在随后的基因复制中,它将被基因组移除,或是被沦为非编码区^[29-31]。目前有解释说^[32]基因缺失可能是一个非随机的过程,也可能基因易位和非编码区是联系在一起的,尤其是脊椎动物的控制区。

References:

- [1] Hoeh W R, Blakley K H, Brown W M. Heteroplasmy suggests limited biparental inheritance of *Mytilus* mitochondrial-DNA. *Science*, 1991, 251, 1488-1490.
- [2] Rawson P D, Burton R S. Molecular evolution at the cytochrome oxidase subunit 2 gene among divergent populations of the intertidal copepod, *Tigriopus californicus*. *Journal of Molecular Evolution*. 2006, 62: 753-764.
- [3] Boore J L. Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 1999, 27: 1767-1780.
- [4] Serb J L, Lydeard C. Complete mtDNA Sequence of the North American Freshwater Mussel, *Lampsilis ornata* (Unionidae): An Examination of the Evolution and Phylogenetic Utility of Mitochondrial Genome Organization in Bivalvia (Mollusca). *Molecular Biology and Evolution*, 2003, 20 (11): 1854-1866.
- [5] Zhang G F, Xu S J, Fang A P. Parasitic metamorphosis development and effective accumulated temperature of glochidia of *Lamprotula leai*, *Freshwater Fisheries*, 2010, 40(3): 18-22.
- [6] Ling G. Primary studies on conservation biology of *Lamprotula Leai* (Gray). Nan Chang: Nan Chang University, 2005.
- [7] Xu B, Li J L, Wang G L. Development and characterization of microsatellite loci in *Lamprotula leai*, with cross-amplification in *Hyriopsis cumingii*. *Conservation Genetics Resources*, 2011, 3: 545-547.
- [8] Koichiro T, Tadashi A. Rapid isolation method of animal mitochondrial DNA by the Alkaline Lysis procedure. *Biochemical Genetics*, 1988, 26: 815-819.
- [9] Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 1994, 3: 294-299.
- [10] Chris S, Francesco F, Andrew B, Bernie C, Liu H, Paul F. Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 1994, 87: 651-704.
- [11] Altschul S F, Madden T L, Schaffer A A, Zhang J, Zhang Z, Miller W, Lipman D J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25(17): 3389-3402.
- [12] Lohse M, Drechsel O, Bock R. OrganellarGenomeDRAW (OGDRAW)—a tool for the easy generation of high-quality custom graphical maps of plastid and mitochondrial genomes. *Current Genetics*, 2007, 52: 267-274.
- [13] Lowe T M, Eddy S R. tRNAscan-SE: A program for improved detection of Transfer RNA genes in genomic sequence. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25: 955-964.
- [14] Chen L, Zhang H H, Ma J Z. The mitochondrial genome of the Mongolian wolf *Canis lupus chanco* and a phylogenetic analysis of *Canis*. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(6): 1463-1471.
- [15] Mathews D H. RNA secondary structure analysis using RNAstructure. *Current Protocols in Bioinformatics*, 2006, 12(6): 121.
- [16] Boyce T M, Zwick M E, Aquadro C F. Mitochondrial DNA in the bark weevils: sizes, structure and heteroplasmy. *Genetics*, 1989, 123(4): 825-836.
- [17] Jacobs H T, Elliott D J, Math V B, Farquharson A. Nucleotide sequence and gene organization of sea urchin mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 1988, 202(2): 185-217.
- [18] Wolstenholme D R. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. *International Review of Cytology*, 1992, 141: 73-216.
- [19] Lunt D H, Whipple L E, Hyman B C. Mitochondrial DNA variable number tandem repeats (VNTRs): utility and problems in molecular ecology. *Molecular Ecology*, 1998, 7(11): 1441-1455.
- [20] Arnason E, Rand D M. Heteroplasmy of short tandem repeats in mitochondrial DNA of Atlantic cod, *Gadus morhua*. *Genetics*, 1992, 132(1): 211-220.

- [21] Milbury C A, Gaffney P. Complete mitochondrial DNA sequence of the eastern oyster *Crassostrea virginica*. *Marine Biotechnology*, 2005, 7(6): 697-712.
- [22] Harrison R G. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 1989, 4(1): 6-11.
- [23] Hoffmann R J, Boore J L, Brown W M. A novel mitochondrial genome organization for the blue mussel, *Mytilus edulis*. *Genetics*, 1992, 131: 397-412.
- [24] Helfenbein K G, Brown W M, Boore J L. The complete mitochondrial genome of the articulate brachiopod *Terebratalia transversa*. *Molecular Biology and Evolution*, 2001, 18: 1734-1744.
- [25] Jiang W P, Li J L, Zheng R L, Wang G L. Analysis of complete mitochondrial genome of *Cristaria plicata*. *Hereditas*, 2010, 32(2): 153-162.
- [26] Wolstenholme D. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. *International Review of Cytology*, 1992, 141: 173-216.
- [27] Zhang X M, Shan X N, Shi Y F, Zhang H J, Li J, Zheng A L. Sequence and organization of *Muntiacus reevesi* mitochondrial genome. *Hereditas*, 2004, 26(6): 849-853.
- [28] Zouros E, Freeman K R, Ball A O, Pogson G H. Direct evidence for extensive paternal mitochondrial-DNA inheritance in the marine mussel *Mytilus*. *Nature*, 1992, 359, 412-414.
- [29] Cuore J P, Kocher T D. Evolution of a unique mitotypespecific protein-coding extension of the cytochrome c oxidase II gene in freshwater mussels (Bivalvia: Unionoida). *Journal of Molecular Evolution*. 2005, 61, 381-389.
- [30] Mock K E, Box J C, Chong J P, Howard J K, Nez D A, Wolf D, Gardner R S. Genetic structuring in the freshwater mussel *Anodonta* corresponds with major hydrologic basins in the western United States. *Molecular Ecology*, 2010, 19(3): 569-579.
- [31] Hoeh W R, Stewart D T, Guttman S I. High fidelity of mitochondrial genome transmission under the doubly uniparental mode of inheritance in freshwater mussels (Bivalvia: Unionoidea). *Evolution*, 2002, 56, 2252-2261.
- [32] Lavrov D V, Boore J L, Brown W M. Complete mtDNA sequences of two millipedes suggest a new model for mitochondrial gene rearrangements: duplication and nonrandom loss. *Molecular Biology and Evolution*, 2002, 12:163-169.

参考文献:

- [5] 张根芳, 许氏式, 方爱萍. 背瘤丽蚌钩介幼虫寄生变态发育和有效积温的研究. *淡水渔业*, 2010, 40(3): 18-22.
- [6] 凌高. 背瘤丽蚌保护生物学初步研究. 南昌: 南昌大学, 2005.
- [14] 陈磊, 张洪海, 马建章. 蒙古狼线粒体基因组序列分析及其系统发育分析. *生态学报*, 2010, 30(6): 1463-1471.
- [25] 蒋文枰, 李家乐, 郑润玲, 汪桂玲. 褶纹冠蚌线粒体基因组全序列分析. *遗传*, 2010, 32(2): 153-162.
- [27] 张晓梅, 单祥年, 施燕峰, 张海军, 李建, 郑爱玲. 线粒体基因组全序列的测定和分析. *遗传*, 2004, 26(6): 849-853.

CONTENTS

Physiological responses of five deciduous broad-leaved tree seedlings in the Northeast Area of China to burning	WANG Rong, HU Haiqing (2303)
The occurrence regularity of psyllid in <i>Haloxylon</i> spp and its influencing factors	LI Fenlian, WU Xuehai, WANG Peiling, et al (2311)
The estimating of the spatial distribution of forest biomass in China based on remote sensing and downscaling techniques	LIU Shuangna, ZHOU Tao, SHU Yang, et al (2320)
Multivariate correlation analysis between landscape pattern and water quality	ZHAO Peng, XIA Beicheng, QIN Jianqiao, et al (2331)
Red fox habitat selection and landscape feature analysis in the Dalai Lake Natural Reserve in Inner Mongolia	ZHANG Honghai, LI Chengtao, DOU Huashan, et al (2342)
Research on assemblage characteristics of macroinvertebrates in the Yalu Tsangpo River Basin	XU Mengzhen, WANG Zhaoyin, PAN Baozhu, et al (2351)
Climate change induced potential range shift of the crested ibis based on ensemble models	ZHAI Tianqing, LI Xinhai (2361)
Analysis of the sources of second generation meadow moth populations that immigrated into Chinese pastoral areas in 2010	ZHANG Li, ZHANG Yunhui, ZENG Juan, et al (2371)
Genetic diversity based on cytochrome <i>b</i> gene analysis of different geographic populations of blue sheep in China	LI Nannan, LIU Zhensheng, WANG Zhenghuan, et al (2381)
Soil microbial properties under different grain-for-green patterns in depressions between karst hills	LU Shiyang, PENG Wanxia, SONG Tongqing, et al (2390)
Ecosystem and soil respiration of a poplar plantation on a sandy floodplain in Northern China	FANG Xianrui, ZHANG Zhiqiang, ZHA Tonggang, et al (2400)
Estimating total nitrogen content in water body based on reflectance from wetland vegetation	LIU Ke, ZHAO Wenji, GUO Xiaoyu, et al (2410)
Analysis on complete F type of mitochondrial genome in <i>Lamprotula lei</i>	CHEN Ling, WANG Guiling, LI Jiale (2420)
The source-sink landscape pattern change and its effect on phosphorus pollution in Yuqiao watershed	LI Chongwei, HU Jie, WANG Sa, et al (2430)
Responses of soil nematode communities to soluble salt contamination around Gangue hill in Fushun	ZHANG Weidong, LV Ying, XIAO Ying, et al (2439)
Effect of aboveground competition on biomass partitioning of understory Korean pine (<i>Pinus koraiensis</i>)	WANG Jinsong, FAN Xiuhua, FAN Juan, et al (2447)
Research of methane metabolic microbial community in soils of slash pine plantation and Masson pine plantation	WANG Yun, ZHENG Hua, CHEN Falin, et al (2458)
$\delta^{13}\text{C}$ values of stem phloem water soluble sugars of <i>Pinus massoniana</i> and <i>Cunninghamia lanceolata</i> response to meteorological factors	LU Yuxi, WANG Zhenxing, ZHENG Huaizhou, et al (2466)
Soil respiration patterns during restoration of vegetation in the Shapotou area, Northern China	GAO Yanhong, LIU Lichao, JIA Rongliang, et al (2474)
Dynamics of caloric value of <i>Robinia pseudoacacia</i> L. energy forest in the west of Henan Province	TAN Xiaohong, LIU Shiqi, MA Luyi, et al (2483)
<i>Ex-situ</i> symbiotic seed germination of <i>Dendrobium catenatum</i>	WU Huifeng, SONG Xiqiang, LIU Hongxia (2491)
Effects of red/far red ratio on morphological index, leaf area and dry matter partitioning of cut chrysanthemum flower	YANG Zaiqiang, ZHANG Jibo, LI Yongxiu, et al (2498)
Effect of prometryne on root activity and oxidative stress of <i>Polygala tenuifolia</i> Willd. seedling roots	WEN Yinyuan, GUO Pingyi, YIN Meiqiang, et al (2506)
Combined effects of elevated O_3 concentration and UV-B radiation on photosynthetic characteristics of soybean	ZHENG Youfei, XU Weimin, WU Rongjun, et al (2515)
Nutrients transfer for host plant and litter decomposition by AMF in Karst soil	HE Yuejun, ZHONG Zhangcheng, DONG Ming (2525)
The dynamics of bacteria community diversity during the fermentation process of traditional soybean paste	GE Jingping, CHAI Yangyang, CHEN Li, et al (2532)
Effect of site-specific fertilization on soil phosphorus in purple garden soil	SUN Qianqian, WANG Zhengyin, ZHAO Huan, et al (2539)
A method of determining standards for ecological compensation in agricultural areas, giving priority to environmental flows in water allocation	PANG Aiping, SUN Tao (2550)
The loss of ecosystem services value caused by food security assessment model and its application	LU Weiye, JIANG Zhide, ZHANG Yinglong, et al (2561)
Review and Monograph	
Review of the current situation of coastal ecological engineering using dredged marine sediments and prospects for potential application in China	HUANG Huamei, GAO Yang, WANG Yinxia, et al (2571)
Discussion	
Quorum sensing in anaerobic ammonium oxidation bacteria	DING Shuang, ZHENG Ping, ZHANG Meng, et al (2581)
Health evaluation of Dongting Lake based on morphological characters	SHUAI Hong, LI Jingbao, XIA Beicheng, et al (2588)
Scientific Note	
Effects of mix-leaf litter decomposition of different trees in the Loess Plateau	LIU Zengwen, DU Liangzhen, ZHANG Xiaoxi, et al (2596)
Changes in soil active organic carbon under different management types of bamboo stands	MA Shaojie, LI Zhengcai, WANG Bin, et al (2603)
Effects of drought stress on photosynthesis and associated physiological characters of pepper	OU Lijun, CHEN Bo, ZOU Xuexiao (2612)
Effects of silicon application and drought stress on photosynthetic traits and mineral nutrient absorption of rice leaves	CHEN Wei, CAI Kunzheng, CHEN Jining (2620)

《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 8 期 (2012 年 4 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 8 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